

(12)特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19)世界知的所有権機関
国際事務局



(43)国際公開日
2000年12月14日 (14.12.2000)

PCT

(10)国際公開番号
WO 00/75314 A1

(51)国際特許分類7: C12N 15/12, 5/10, C07K 14/715,
16/28, C12P 21/02, G01N 33/53, 33/566

〒300-4101 茨城県新治郡新治村永井153番地2 Ibaraki
(JP).

(21)国際出願番号: PCT/JP00/03556

(72)発明者; および

(75)発明者/出願人(米国についてのみ): 前田正嗣
(MAEDA, Masatsugu) [JP/JP]. 矢口紀子 (YAGUCHI,
Noriko) [JP/JP]; 〒300-4101 茨城県新治郡新治村永
井153番地2 株式会社 中外分子医学研究所内 Ibaraki
(JP).

(22)国際出願日: 2000年6月1日 (01.06.2000)

(74)代理人: 清水初志, 外(SHIMIZU, Hatsuhi et al.); 〒
300-0847 茨城県土浦市卸町1-1-1 関鉄つくばビル6階
Ibaraki (JP).

(25)国際出願の言語: 日本語

(81)指定国(国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB,
BG, BR, BY, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM,
DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL,
IN, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV,
MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO, NZ, PL, PT,

(26)国際公開の言語: 日本語

[続葉有]

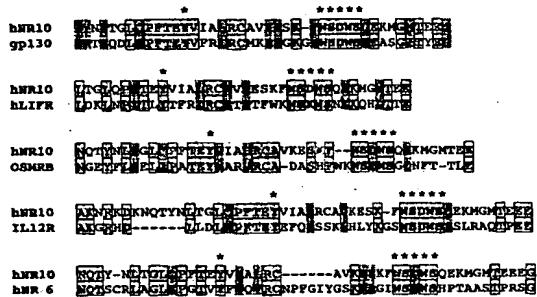
(30)優先権データ:
特願平11/155797 1999年6月2日 (02.06.1999) JP

特願平11/217797 1999年7月30日 (30.07.1999) JP

(71)出願人(米国を除く全ての指定国について): 株式会社
中外分子医学研究所 (CHUGAI RESEARCH INSTITUTE
FOR MOLECULAR MEDICINE, INC.) [JP/JP];

(54) Title: NOVEL HEMOPOIETIN RECEPTOR PROTEIN NR10

(54)発明の名称: 新規ヘモポエチン受容体蛋白質、NR10



(57) Abstract: A novel hemopoietin receptor gene (NR10) is successfully isolated based on a sequence anticipated by extracting a conserved motif from the amino acid sequence of a known hemopoietin receptor. It is considered that NR10 occurs as a transmembrane protein and soluble protein and the expression of the transmembrane receptor gene is detected in a tissue containing hematopoietic cells. NR10, which is a novel hemopoietin receptor molecule participating in immunoregulation and hematopoietic cell regulation *in vivo*, is useful in searching a novel hematopoietic factor capable of functionally binding to the receptor and developing remedies for diseases concerning immune and hematopoietic systems.

(57)要約:

既知のヘモポエチン受容体のアミノ酸配列から保存されているモチーフを抽出し、予測した配列をもとに新規なヘモポエチン受容体遺伝子 (NR10) を単離することに成功した。NR10 には、細胞膜貫通型と可溶型の 2 つ型が存在すると考えられ、細胞膜貫通型受容体遺伝子は造血系細胞を含む組織で発現が検出された。NR10 は生体免疫調節、造血細胞調節に関与する新規なヘモポエチン受容体分子であり、同受容体と機能結合し得る新規造血性因子の検索や、免疫・造血系関連疾患の治療薬の開発に有用である。

WO 00/75314 A1



RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA,
UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

添付公開書類:
— 國際調査報告書

(84) 指定国(広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW,
MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), ユーラシア特許 (AM,
AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT,
LU, MC, NL, PT, SE), OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG, CI,
CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

2文字コード及び他の略語については、定期発行される
各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語
のガイドスノート」を参照。

- 1 -

明細書

新規ヘモポエチン受容体蛋白質、NR 10

技術分野

本発明は新規ヘモポエチン受容体蛋白質、それをコードする遺伝子、それらの製造方法及び用途に関する。

背景技術

種々の細胞の増殖分化、あるいは分化成熟した細胞の機能の賦活化さらには細胞死に関与する体液性因子として数多くのサイトカインの存在が知られている。これらのサイトカインにはそれぞれ特異的な受容体が存在し、これらの受容体は構造上の類似性から幾つかのファミリーに分類されている (Hilton D.J., in "Guidebook to Cytokines and Their Receptors" edited by Nicola N.A. (A Sambr ook & Tooze Publication at Oxford University Press), 1994, p8-16)。

一方、受容体間の類似性と比較するとサイトカイン同士の一次構造上の相同性は低く、同一の受容体ファミリーに属するサイトカインメンバーの間でさえアミノ酸レベルでの顕著な相同性は認められない。このことは個々のサイトカインの機能の特異性を説明すると同時に、個々のサイトカインにより誘導される細胞の反応の類似性を説明する。

上記サイトカイン受容体ファミリーの代表的なものとして、チロシンキナーゼ受容体、ヘモポエチン受容体、腫瘍壞死因子(TNF)受容体、トランスフォーミング増殖因子 β (TGF β)受容体の各ファミリーが挙げられ、それぞれのファミリーで異なるシグナル伝達系の関与が報告されている。これらの受容体ファミリーのうち、特にヘモポエチン受容体ファミリーの多くは血液細胞あるいは免疫担当細胞に発現しており、そのリガンドであるサイトカインはしばしば造血因子あるいはイン

- 2 -

ターロイキンと称される。これら造血因子、あるいはインターロイキン類のあるものは血流中に存在し全身的な造血あるいは免疫機能の体液性調節に関与していると考えられる。

このことは他のファミリーに対応するサイトカインがしばしば局所での調節にのみ関与していると考えられる点とは対照的で、これらヘモポエチン類の一部のものはホルモン様因子と捉えることが可能であり、また逆に代表的なペプチド性ホルモンである成長ホルモン、プロラクチンあるいはレプチンの受容体もヘモポエチン受容体ファミリーに属する。上記ホルモン様の全身性調節様式からこれらのヘモポエチン類を投与することによる種々の疾患の治療への応用が期待される。

事実、数多いサイトカイン類の中で臨床応用が行われているのは、エリスロポエチン、G-CSF、GM-CSF、IL-2 であり、また現在臨床応用に向けた検討が行われている、IL-11、LIF、IL-12 に加えて上記ペプチドホルモン類の成長ホルモン、プロラクチンを併せて考えると、上記各種受容体ファミリーのうちヘモポエチン受容体に結合する新規サイトカインを探索することにより、より高い確率で臨床応用可能なサイトカインを見出すことが可能と考えられる。

上に述べた様にサイトカイン受容体はファミリーメンバー間で構造上の類似性を有している。この類似性を利用して新規受容体を発見する試みは数多く行われており、特にチロシンキナーゼ受容体に関しては、その触媒部位の高度に保存された配列を利用して既に数多くの受容体がクローニングされている(Matthews W. et al., Cell, 1991, 65 (7) p1143-52)。これに対してヘモポエチン受容体はその細胞質領域にチロシンキナーゼの様な酵素活性ドメインを有しておらず、そのシグナル伝達は細胞質中に遊離状態で存在する別のチロシンキナーゼ蛋白との会合を介して行われることが知られている。

これらの細胞質性チロシンキナーゼ (JAK キナーゼ) との受容体上の結合部位はファミリーメンバー間で一応保存されてはいるものの、その相同性はあまり高くない (Murakami M. et al., Proc.Natl.Acad.Sci.U.SA, 1991, 88, 11349-1135

- 3 -

3)。一方、これらへモポエチン受容体を最もよく特徴付ける配列はむしろ細胞外領域に存在し、特に Trp-Ser-Xaa-Trp-Ser (Xaa は任意のアミノ酸) の 5 アミノ酸から成るモチーフは殆ど全てのへモポエチン受容体に保存されており、この配列を利用した新規ファミリーメンバーの探索により新規受容体を取得することが期待される。事実、これまでに IL-11 受容体 (Robb, L. et al., J. Biol. Chem. 271 (23), 1996, 13754-13761)、レプチン受容体 (Gainsford T. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1996, 93 (25) p14564-8) 及び IL-13 受容体 (Hilton D.J. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1996, 93 (1) p497-501) がこのアプローチにより同定されている。

発明の開示

本発明は、新規へモポエチン受容体蛋白質、それをコードするDNAを提供する。本発明はまた、該DNAが挿入されたベクター、該DNAを保持する形質転換体、該形質転換体を利用した組換え蛋白質の製造方法を提供する。本発明はさらに、該蛋白質に結合する化合物のスクリーニング方法を提供する。

本発明者らは、これまでに、Trp-Ser-Xaa-Trp-Ser モチーフ (WS モチーフ) をコードするオリゴヌクレオチドをプローブに用いてブラークハイブリダイゼーションあるいは RT-PCR 等の方法により新規受容体の探索を試行してきた。しかし、このモチーフをコードするオリゴヌクレオチド tggag(t/c)nnntggag(t/c)(n は任意の塩基) が 15 塩基対と短いこと、さらには g/c 含量が高い等の理由から通常のハイブリダイゼーションの実験条件下で厳密に 15 塩基が完全にハイブリダイズしたものだけを選別することは極めて困難であった。

また、比較的広範に分布しあつ発現量も高いと考えられる各種コラーゲンを初めとするへモポエチン受容体以外の蛋白をコードする cDNA 中にも類似の配列が含まれており、これらの原因により上記ブラークハイブリダイゼーションあるいは RT-PCR によるスクリーニングは極めて効率の悪いものであった。

- 4 -

これらの問題を解決するために、上記 WS モチーフ以外の部位において、ヘモポエチン受容体ファミリーに保存されているモチーフを検討した。その結果、同ファミリーの細胞外領域において WS モチーフより 13 ~ 27 アミノ酸上流に位置するチロシン残基、あるいはヒスチジン残基が高い確立で保存されており、さらに、その Tyr/His 残基から C 末端方向の 6 アミノ酸において、高頻度に出現するコンセンサス配列を検討した結果、(Tyr/His)-Xaa-(Hydrophobic/Ala)-(Gln/Arg)-Hydrophobic-Arg といったアミノ酸配列（以下 YR モチーフと称する）を見出しが可能であった。しかしながら、この YR モチーフは必ずしも完全なコンセンサス配列と断定できるものではなく、また、このモチーフをコードする塩基配列の組合せは複雑性に富んでいる。従って、現実的なスクリーニングの手段となるハイブリダイゼーションのためのプローブや、あるいは RT-PCR を目的とするプライマーとして、このアミノ酸配列の全てをコード可能なオリゴヌクレオチドを合成、且つ供することは事実上不可能に近い。

そこで、上記 2 種類のモチーフをプローブとして利用する具体的な新規ヘモポエチン受容体ファミリーメンバーの検索手段を検討した結果、双方のモチーフ配列を共に含むように、既知ヘモポエチン受容体を断片化した部分アミノ酸配列を質問式 (query) として用いる、コンピュータ上でデータベース検索が妥当であると判断した。実際に GenBank の gss、及び htgs データベースに対する TBlastN 検索を、複数の既知ヘモポエチン受容体の部分アミノ酸配列を質問式として用いて繰り返し実施した結果、何れの場合においても、多数の疑陽性クローンが得られた。次に上記検索で得られたクローンについて、プローブ配列周辺の塩基配列をアミノ酸配列に変換して既知のヘモポエチン受容体のアミノ酸配列と比較する事により、同受容体ファミリーメンバーをコードすると考えられる遺伝子を選別した。以上の検索により唯一、1 クローンの新規ヘモポエチン受容体遺伝子をコードし得ると推測されるヒトゲノム配列を同定し、この遺伝子を NR10 と命名した。次に、得られた塩基配列をもとにして、特異的なオリゴヌクレオチドプライマ

- 5 -

ーを設計した。これらプライマーを利用した 5'-RASE 法、及び 3'-RACE 法をヒト胎児肝細胞、及びヒト胎盤 cDNA ライブラリーを鋳型としておこなうことにより、最終的に 652 アミノ酸からなる細胞膜貫通型受容体をコードする完全長 cDNA、NR 10.1 を単離し、その全塩基配列を決定した。同時に 3'-RACE の産物においてスプライス変異体と推定される cDNA クローン、NR10.2 の単離にも成功した。その塩基配列を決定した結果、NR10.2 は 252 アミノ酸からなる可溶性受容体様蛋白をコードすることが可能であることを認めた。NR10.1 は一次構造上、細胞外領域に他のファミリーメンバー間で保存されているシステイン残基、プロリンに富んだモチーフ、WSXWS モチーフ、細胞内領域にシグナル伝達に関与すると考えられる box1 モチーフ、等がよく保存されており典型的なヘモポエチン受容体をコードしていると考えられた。

その後、さらに NR10.1、及び NR10.2 のそれぞれに特異的なプライマーセットを用いた RT-PCR 法を、各ヒト臓器由来の mRNA に対しておこない、当該遺伝子の発現組織を検索すると共に、同遺伝子の各ヒト臓器における発現分布、及び、発現様態の解析をおこなった。RT-PCR によって増幅された標的遺伝子は、NR10.1 及び NR10.2 それに特異的な cDNA 断片をプローブとして用いたサザンブロッティング法を実施することで確認をおこない、それが非特異的な増幅である可能性を否定すると同時に、RT-PCR 産物の定量的評価をおこなった。その結果、解析した全ての臓器において構成的に一定量の発現分布が認められた NR10.2 遺伝子に対し、NR10.1 は成人心臓、胎盤、精巣、胸腺、末梢白血球において強い発現を示し、さらに脾臓、骨髓、前立腺、卵巣、膵臓、肺において弱い発現が検出されるなど、その遺伝子発現を認める臓器、及び組織は制限されるものであった。

また、本発明者等は、NR10.1 の完全長 ORF の単離を目的とする PCR クローニングにおいて、NR10.1 の僅か 1 塩基が欠損した塩基配列を有し、662 アミノ酸からなる細胞膜貫通型受容体蛋白をコードする cDNA クローン、NR10.3 を単離した。NR10.3 は、NR10.1 と構造的に近似していることから、NR10.1 と同等の機能を有し

ていると考えられた。

以上のような NR10 の特性から、NR10 は生体免疫調節、或いは造血細胞調節に関与する新規なヘモポエチン受容体分子と推定され、同受容体と機能結合し得る新規造血性因子の検索に、同遺伝子を利用することは極めて有用であると考えられる。

すなわち、本発明は、新規なヘモポエチン受容体およびそれらの遺伝子、ならびにそれらの製造および利用に関し、より具体的には、

(1) 下記 (a) から (d) のいずれかに記載のDNA、

(a) 配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列からなる蛋白質をコードするDNA。

(b) 配列番号：1、3、または16かに記載の塩基配列のコード領域を含むDNA。

(c) 配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列において1若しくは複数個のアミノ酸の欠失、付加及び／又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列からなる、配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等な蛋白質をコードするDNA。

(d) 配列番号：1、3、または16に記載の塩基配列からなるDNAとストリージェントな条件下でハイブリダイズするDNAであって、配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等な蛋白質をコードするDNA。

(2) 配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列からなる蛋白質の部分ペプチドをコードするDNA、

(3) (1) または (2) に記載のDNAが挿入されたベクター、

(4) (1) または (2) に記載のDNAを発現可能に保持する形質転換体、

(5) (1) または (2) に記載のDNAによりコードされる蛋白質またはペプチド、

(6) (4)に記載の形質転換体を培養し、該形質転換体またはその培養上清から発現させたタンパク質を回収する工程を含む、(5)に記載の蛋白質またはペプチドの製造方法、

(7) (5)に記載の蛋白質に結合する化合物をスクリーニングする方法であって、

(a) (5)に記載の蛋白質またはその部分ペプチドに被検試料を接触させる工程、および

(b) (5)に記載の蛋白質またはその部分ペプチドと被検試料との結合活性を検出する工程、

(c) (5)に記載の蛋白質またはその部分ペプチドに結合する活性を有する化合物を選択する工程、を含む方法、

(8) (5)に記載の蛋白質に結合する抗体、

(9) (8)に記載の抗体と、(5)に記載の蛋白質が含まれると予想される試料とを接触せしめ、該抗体と該蛋白質との免疫複合体の生成を検出又は測定することを含む、(5)に記載の蛋白質の検出又は測定方法、および

(10) 配列番号：1、3または16に記載の塩基配列からなるDNAまたはその相補鎖に相補的な少なくとも15ヌクレオチドを含むポリヌクレオチド、を提供するものである。

本発明は、新規ヘモポエチン受容体「NR10」を提供する。GenBank データベース解析、および5'-RACE 及び3'-RACEによる解析の結果から、本発明者らは新規ヘモポエチン受容体遺伝子 NR10 を同定し単離することに成功した。NR10 の転写産物には、少なくとも2種のスプライス変異体の存在が確認された。このうち、細胞膜貫通型受容体蛋白をコードする cDNA クローンを NR10.1 とし、他方、252 アミノ酸からなる可溶性受容体様蛋白をコードすると考えられる cDNA クローンを NR10.2 とした。また、本発明者等は、NR10.1 cDNA の完全長 ORF の単離を目的とする PCR クローニングにおいて、662 アミノ酸からなる細胞膜貫通型受容体蛋白

白をコードする cDNA クローンの完全長 ORF の単離に成功し、この cDNA クローンを NR10.3 と命名した。

NR10.1 cDNA の塩基配列を配列番号：1 に、該 cDNA によりコードされるタンパク質のアミノ酸配列を配列番号：2 に示す。また、NR10.2 cDNA の塩基配列を配列番号：3 に、該 cDNA によりコードされるタンパク質のアミノ酸配列を配列番号：4 に示す。また、NR10.3 cDNA の塩基配列を配列番号：16 に、該 cDNA によりコードされるタンパク質のアミノ酸配列を配列番号：17 に示す。

NR10.1 に対して NR10.3 cDNA クローンは、終止コドン近傍に存在するアデニン基クラスターにおける、僅か 1 塩基の欠損が認められ、これによって発生したフレームシフトに起因するアミノ酸配列読み枠の相違を示す。従って、これら両クローンの相違は、スプライシング変異体であることに基づく転写産物の相違ではない。また、その 1 塩基の欠損以外においては、NR10.1 と NR10.3 cDNA クローンの相違は認められない。細胞外領域においては、双方共に全く同一であるため両者は同様の立体構造を保有し、さらに同一の特異的リガンドを認識すると考えられる。一方、細胞内領域においては、細胞膜貫通領域直下に存在する Box1 モチーフ（数個の塩基性アミノ酸と複数の疎水性アミノ酸に続く、Pro-Xxx-Pro 配列）を保有していることから、JAK キナーゼの結合が予測される。従って、これらがコードする蛋白質は、機能的に同等であること推測される。

RT-PCR 法を用いて各ヒト臓器における遺伝子発現解析を実施した結果、解析した全ての臓器において構成的に一定量の発現分布が認められた NR10.2 遺伝子に対し、NR10.1 は成人心臓、胎盤、精巣、胸腺、末梢白血球において強い発現を示し、さらに脾臓、骨髄、前立腺、卵巣、膵臓、肺において弱い発現が検出されるなど、その遺伝子発現を認める臓器、及び組織は制限されたものであった。以上のことから、NR10 は新規造血因子受容体をコードするものと推定される。

上記 NR10 タンパク質には、医療への応用が考えられる。NR10.1 が胸腺、末梢白血球及び脾臓に発現していることから未知の造血因子の受容体である可能性が

示唆される。従って、NR10 タンパク質はこの未知の造血因子を得るための有用な材料を提供するものと考えられる。また、NR10 分子と機能結合し得るアゴニスト、或いはアンタゴニストの検索を、ペプチドライブラリー、または合成化学材料に對しておこない、単離同定することも考えられる。さらに、NR10 分子に機能結合する新規分子、及び NR10 分子機能を制限し得る特異的抗体の検索による、生体免疫応答制御や造血細胞制御といった臨床応用が期待される。

また、NR10 の発現はこれら造血組織中の限られた細胞集団に特異的に発現している可能性が想定され、この細胞集団を分離する手段として抗 NR10 抗体は有用である。この様にして分離された細胞集団は細胞移植療法への応用が可能である。さらに抗 NR10 抗体は白血病を初めとした疾患の病型診断あるいは治療への応用も期待される。

一方、NR10 蛋白質の細胞外ドメインを含む可溶性蛋白質、あるいは NR10 のスプライス変異体である NR10.2 はデコイ型受容体として NR10 リガンドの阻害剤としての利用が想定され、NR10 が関与する白血病を初めとする疾患の治療への応用が期待できる。

本発明は、NR10 タンパク質と機能的に同等なタンパク質を包含する。このようなタンパク質には、例えば、ヒト NR10 タンパク質に対応する他の生物のホモログタンパク質やヒト NR10 タンパク質の変異体が含まれる。本発明において「機能的に同等」とは、対象となるタンパク質が、上記 NR10 タンパク質と同等の生物学的活性を有することを指す。生物学的活性としては、例えば、膜結合型または可溶型の造血因子受容体蛋白質活性である。

あるタンパク質と機能的に同等なタンパク質を調製するための、当業者によく知られた方法としては、タンパク質に変異を導入する方法が知られている。例えば、当業者であれば、部位特異的変異誘発法 (Hashimoto-Gotoh, T. et al. (1995) Gene 152, 271-275、Zoller, MJ, and Smith, M. (1983) Methods Enzymol. 100, 468-500、Kramer, W. et al. (1984) Nucleic Acids Res. 12, 9441-9456、

- 10 -

Kramer W, and Fritz HJ(1987) Methods. Enzymol. 154, 350-367、Kunkel, TA(1985) Proc Natl Acad Sci U S A. 82, 488-492、Kunkel (1988) Methods Enzymol. 85, 2763-2766)などを用いて、ヒト NR10 タンパク質のアミノ酸に適宜変異を導入することによりヒト NR10 タンパク質と機能的に同等なタンパク質を調製することができる。また、アミノ酸の変異は自然界においても生じうる。このように、ヒト NR10 タンパク質のアミノ酸配列において 1 もしくは複数のアミノ酸が変異したアミノ酸配列を有し、ヒト NR10 タンパク質と機能的に同等なタンパク質もまた本発明のタンパク質に含まれる。

本発明の NR10 蛋白質と機能的に同等な蛋白質としては、具体的には、配列番号：2、4、または 17 に示されるアミノ酸配列中の 1 又は 2 個以上、好ましくは、2 個以上 30 個以下、より好ましくは 2 個以上 10 個以下のアミノ酸が欠失したもの、配列番号：2、4、または 17 に示されるアミノ酸配列に 1 又は 2 個以上、好ましくは、2 個以上 30 個以下、より好ましくは 2 個以上 10 個以下のアミノ酸が付加したもの、配列番号：2、4、または 17 に示されるアミノ酸配列中の 1 又は 2 個以上、好ましくは、2 個以上 30 個以下、より好ましくは 2 個以上 10 個以下のアミノ酸が他のアミノ酸で置換されたものが挙げられる。

変異するアミノ酸残基においては、アミノ酸側鎖の性質が保存されている別のアミノ酸に変異されることが望ましい。例えばアミノ酸側鎖の性質としては、疎水性アミノ酸 (A、I、L、M、F、P、W、Y、V)、親水性アミノ酸 (R、D、N、C、E、Q、G、H、K、S、T)、脂肪族側鎖を有するアミノ酸 (G、A、V、L、I、P)、水酸基含有側鎖を有するアミノ酸 (S、T、Y)、硫黄原子含有側鎖を有するアミノ酸 (C、M)、カルボン酸及びアミド含有側鎖を有するアミノ酸 (D、N、E、Q)、塩基含有側鎖を有するアミノ酸 (R、K、H)、芳香族含有側鎖を有するアミノ酸 (H、F、Y、W) を挙げることができる（括弧内はいずれもアミノ酸の一文字標記を表す）。

なお、あるアミノ酸配列に対する 1 又は複数個のアミノ酸残基の欠失、付加及び／又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列を有するタンパ

- 11 -

ク質がその生物学的活性を維持することはすでに知られている (Mark, D. F. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1984) 81, 5662-5666 、 Zoller, M. J. & Smith, M. Nucleic Acids Research (1982) 10, 6487-6500 、 Wang, A. et al., Science 224, 1431-1433 、 Dalbadie-McFarland, G. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1982) 79, 6409-6413)。

ヒト NR10 タンパク質のアミノ酸配列 (配列番号 : 2、 4、 または 17) に 1 又は複数個のアミノ酸残基が付加されたタンパク質としては、 例えば、 ヒト NR10 タンパク質を含む融合タンパク質が挙げられる。 融合タンパク質は、 ヒト NR10 タンパク質と他のペプチド又はタンパク質とが融合したものであり、 本発明に含まれる。 融合タンパク質を作製する方法は、 本発明のヒト NR10 タンパク質をコードする DNA と他のペプチド又はタンパク質をコードする DNA をフレームが一致するように連結してこれを発現ベクターに導入し、 宿主で発現させればよく、 当業者に公知の手法を用いることができる。 本発明のタンパク質との融合に付される他のペプチド又はタンパク質としては、 特に限定されない。

本発明のタンパク質との融合に付される他のペプチドとしては、 例えば、 FLAG (Hopp, T. P. et al., BioTechnology (1988) 6, 1204-1210)、 6 個の His (ヒスチジン) 残基からなる 6×His、 10×His、 インフルエンザ凝集素 (HA)、 ヒト c-myc の断片、 VSV-GP の断片、 p18HIV の断片、 T7-tag、 HSV-tag、 E-tag、 SV40T 抗原の断片、 lck tag、 α -tubulin の断片、 B-tag、 Protein C の断片等の公知のペプチドを使用することができる。 また、 本発明のタンパク質との融合に付される他のタンパク質としては、 例えば、 GST (グルタチオン-S-トランスフェラーゼ)、 HA (インフルエンザ凝集素)、 イムノグロブリン定常領域、 β -ガラクトシダーゼ、 MBP (マルトース結合タンパク質) 等が挙げられる。

市販されているこれらペプチドまたはタンパク質をコードする DNA を本発明のタンパク質をコードする DNA と融合させ、 これにより調製された融合 DNA を発現させることにより、 融合タンパク質を調製することができる。

- 12 -

また、あるタンパク質と機能的に同等なタンパク質を調製する当業者によく知られた他の方法としては、ハイブリダイゼーション技術 (Sambrook, J et al., Molecular Cloning 2nd ed., 9.47-9.58, Cold Spring Harbor Lab. press, 1989) を利用する方法が挙げられる。即ち、当業者であれば、ヒト NR10 タンパク質をコードする DNA 配列（配列番号：1、3、または 16）もしくはその一部を基に、これと相同意の高い DNA を単離して、該 DNA からヒト NR10 タンパク質と機能的に同等なタンパク質を単離することも通常行いうることである。このように、ヒト NR10 タンパク質をコードする DNA もしくはその一部からなる DNA とハイブリダイズする DNA がコードするタンパク質であって、ヒト NR10 タンパク質と機能的に同等なタンパク質もまた本発明のタンパク質に含まれる。このようなタンパク質としては、例えば、ヒト以外の哺乳動物のホモログ（例えば、サル、マウス、ラット、ウサギ、ウシの遺伝子がコードするタンパク質）が挙げられる。ヒト NR10 タンパク質をコードする DNA と相同意の高い cDNA を、動物から単離する場合、特に心臓、胎盤、精巣などの組織を用いることが好ましいと考えられる。

ヒト NR10 タンパク質と機能的に同等なタンパク質をコードする DNA を単離するためのストリンジエントなハイブリダイゼーションの条件としては、当業者であれば適宜選択することができる。ハイブリダイゼーションの条件は、例えば、低ストリンジエントな条件が挙げられる。低ストリンジエントの条件とは、例えば 42°C、2×SSC、0.1%SDS が挙げられ、好ましくは 50°C、2×SSC、0.1%SDS である。またより好ましくは、高ストリンジエントな条件が挙げられる。高ストリンジエントな条件とは、例えば 65°C、2×SSC 及び 0.1%SDS が挙げられる。これらの条件において、温度を上げる程に高い相同意を有する DNA を得ることができる。但し、ハイブリダイゼーションのストリンジエンシーに影響する要素としては温度以外にも塩濃度など複数の要素が考えられ、当業者であればこれら要素を適宜選択することで同様のストリンジエンシーを実現することが可能である。

また、ハイブリダイゼーションにかえて、ヒト NR10 タンパク質をコードする D

NA (配列番号 : 1、3、または 16) の配列情報を基に合成したプライマーを用いる遺伝子增幅法、例えば、ポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) 法を利用して目的の DNA を単離することも可能である。

これらハイブリダイゼーション技術または遺伝子增幅技術により単離される DNA がコードするヒト NR10 タンパク質と機能的に同等なタンパク質は、通常、ヒト NR10 タンパク質とアミノ酸配列において高い相同意を有する。本発明のタンパク質には、ヒト NR10 蛋白質と機能的に同等であり、かつ配列番号 : 2、4、または 17 に示されるアミノ酸配列と高い相同意を有する蛋白質も含まれる。高い相同意とは、通常、70%以上の相同意、好ましくは 80%以上の相同意、さらに好ましくは 90%以上、さらに好ましくは 95%以上の同一性を指す。タンパク質の相同意を決定するには、文献 (Wilbur, W. J. and Lipman, D. J. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1983) 80, 726-730) に記載のアルゴリズムにしたがえばよい。

本発明のタンパク質は、後述するそれを産生する細胞や宿主あるいは精製方法により、アミノ酸配列、分子量、等電点又は糖鎖の有無や形態などが異なり得る。しかしながら、得られたタンパク質が、本発明のヒト NR10 タンパク質(配列番号 : 2、4、または 17) と同等の機能を有している限り、本発明に含まれる。例えば、本発明の蛋白質を原核細胞、例えば大腸菌で発現させた場合、本来の蛋白質のアミノ酸配列の N 末端にメチオニン残基が付加される。また、真核細胞、例えば哺乳動物細胞で発現させた場合、N 末端のシグナル配列は除去される。本発明の蛋白質はこのような蛋白質も包含する。

例えば、文献 (Von Heijne, G. Nucleic Acids Research (1986) 14, 4683-4690) に記載の方法に基づいて、本発明の蛋白質を解析した結果、シグナル配列は配列番号 : 2、4、および 17 のアミノ酸配列において、1 位の Met から 32 位の Ala までと推定された。したがって、本発明は配列番号 : 2 に記載のアミノ酸配列において、33 位の Ala から 652 位の Asp までからなる蛋白質を包含する。同様に、配列番号 : 4 に記載のアミノ酸配列において、33 位の Ala から 252 位の Val

- 14 -

までからなる蛋白質を包含する。同様に、配列番号：17に記載のアミノ酸配列において、33位のAlaから662位のIleまでからなる蛋白質を包含する。

本発明のタンパク質は、当業者に公知の方法により、組み換えタンパク質として、また天然のタンパク質として調製することが可能である。組み換えタンパク質であれば、本発明のタンパク質をコードするDNA(例えば配列番号：1、3、または16に記載の塩基配列を有するDNA)を、適当な発現ベクターに組み込み、これを適当な宿主細胞に導入して得た形質転換体を回収し、抽出物を得た後、イオン交換、逆相、ゲルfiltrationなどのクロマトグラフィー、あるいは本発明のタンパク質に対する抗体をカラムに固定したアフィニティーコロマトグラフィーにかけることにより、または、さらにこれらのカラムを複数組み合わせることにより精製し、調製することが可能である。

また、本発明のタンパク質をグルタチオンSトランスフェラーゼタンパク質との融合タンパク質として、あるいはヒスチジンを複数付加させた組み換えタンパク質として宿主細胞(例えば、動物細胞や大腸菌など)内で発現させた場合には、発現させた組み換えタンパク質はグルタチオンカラムあるいはニッケルカラムを用いて精製することができる。

融合タンパク質の精製後、必要に応じて融合タンパク質のうち目的のタンパク質以外の領域を、トロンビンまたはファクターXaなどにより切断し、除去することも可能である。

天然のタンパク質であれば、当業者に周知の方法、例えば、本発明のタンパク質を発現している組織や細胞の抽出物に対し、後述するNR10タンパク質に結合する抗体が結合したアフィニティーカラムを作用させて精製することにより単離することができる。抗体はポリクローナル抗体であってもモノクローナル抗体であってもよい。

本発明は、また、本発明のタンパク質の部分ペプチドを包含する。本発明のタンパク質に特異的なアミノ酸配列からなる部分ペプチドは、少なくとも7アミノ

酸、好ましくは 8 アミノ酸以上、さらに好ましくは 9 アミノ酸以上のアミノ酸配列からなる。該部分ペプチドは、例えば、本発明のタンパク質に対する抗体の作製、本発明のタンパク質に結合する化合物のスクリーニングや、本発明のタンパク質の促進剤や阻害剤のスクリーニングに利用し得る。また、本発明のタンパク質のリガンドに対するアンタゴニストになり得る。本発明のタンパク質の部分ペプチドとしては、例えば、配列番号：2、4、または 17 に示されるアミノ酸配列からなるタンパク質の活性中心からなる部分ペプチドが挙げられる。また、疎水性プロット解析から推定される疎水性領域や親水性領域の 1 つあるいは複数の領域を含む部分ペプチドが挙げられる。これらの部分ペプチドは 1 つの疎水性領域の一部あるいは全部を含んでいてもよいし、1 つの親水性領域の一部あるいは全部を含んでいてもよい。また、例えば、本発明のタンパク質の可溶型蛋白質や細胞外領域からなるタンパク質も本発明に包含される。

本発明の部分ペプチドは、遺伝子工学的手法、公知のペプチド合成法、あるいは本発明のタンパク質を適切なペプチダーゼで切断することによって製造することができる。ペプチド合成法としては、たとえば固相合成法、液相合成法のいずれによっても良い。

また、本発明は、本発明のタンパク質をコードする DNA を提供する。本発明の DNA は、上述したような本発明のタンパク質の *in vivo* や *in vitro* における生産に利用される他、例えば、本発明のタンパク質をコードする遺伝子の異常に起因する疾患の遺伝子治療などへの応用も考えられる。本発明の DNA は、本発明のタンパク質をコードしうるものであれば、いかなる形態でもよい。即ち、mRNA から合成された cDNA であるか、ゲノム DNA であるか、化学合成 DNA であるかなどを問わない。また、本発明のタンパク質をコードしうる限り、遺伝暗号の縮重に基づく任意の塩基配列を有する DNA が含まれる。

本発明の DNA は、当業者に公知の方法により調製することができる。例えば、本発明のタンパク質を発現している細胞より cDNA ライブラリーを作製し、本発明

- 16 -

の DNA の配列（例えば、配列番号：1 または 3）の一部をプローブにしてハイブリダイゼーションを行うことにより調製できる。cDNA ライブラリーは、例えば Sambrook, J. et al., Molecular Cloning, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989) に記載の方法により調製してもよいし、市販の DNA ライブラリーを用いてもよい。また、本発明のタンパク質を発現している細胞より RNA を調製し、本発明の DNA の配列（例えば、配列番号：1、3、または 16）に基づいてオリゴ DNA を合成し、これをプライマーとして用いて PCR 反応を行い、本発明のタンパク質をコードする cDNA を増幅させることにより調製することも可能である。

また、得られた cDNA の塩基配列を決定することにより、それがコードする翻訳領域を決定でき、本発明のタンパク質のアミノ酸配列を得ることができる。また、得られた cDNA をプローブとしてゲノム DNA ライブラリーをスクリーニングすることにより、ゲノム DNA を単離することができる。

具体的には、次のようにすればよい。まず、本発明のタンパク質を発現する細胞、組織、臓器（例えば卵巣、精巣、胎盤など）から、mRNA を単離する。mRNA の単離は、公知の方法、例えば、グアニジン超遠心法(Chirgwin, J. M. et al., Biochemistry (1979) 18, 5294-5299)、AGPC 法(Chomczynski, P. and Sacchi, N., Anal. Biochem. (1987) 162, 156-159) 等により全 RNA を調製し、mRNA Purification Kit(Pharmacia) 等を使用して全 RNA から mRNA を精製する。また、QuickPrep mRNA Purification Kit(Pharmacia) を用いることにより mRNA を直接調製することもできる。

得られた mRNA から逆転写酵素を用いて cDNA を合成する。cDNA の合成は、AMV Reverse Transcriptase First-strand cDNA Synthesis Kit(生化学工業) 等を用いて行うこともできる。また、本明細書に記載されたプライマー等を用いて、5'-Ampli FINDER RACE Kit(Clontech 製) およびポリメラーゼ連鎖反応(polymerase chain reaction ; PCR) を用いた 5'-RACE 法(Frohman, M. A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. (1988) 85, 8998-9002 ; Belyavsky, A. et al., Nucl

eic Acids Res. (1989) 17, 2919-2932)にしたがい、cDNAの合成および増幅を行うことができる。

得られたPCR産物から目的とするDNA断片を調製し、ベクターDNAと連結する。さらに、これより組換えベクターを作製し、大腸菌等に導入してコロニーを選択して所望の組換えベクターを調製する。目的とするDNAの塩基配列は、公知の方法、例えば、ジテオキシヌクレオチドチェインターミネーション法により確認することができる。

また、本発明のDNAにおいては、発現に使用する宿主のコドン使用頻度を考慮して、より発現効率の高い塩基配列を設計することができる (Grantham, R. et al., Nucleic Acids Research (1981) 9, r43-74)。また、本発明のDNAは、市販のキットや公知の方法によって改変することができる。改変としては、例えば、制限酵素による消化、合成オリゴヌクレオチドや適当なDNAフラグメントの挿入、リンカーの付加、開始コドン(ATG)及び／又は終止コドン(TAA、TGA、又はTAG)の挿入等が挙げられる。

本発明のDNAは、具体的には、配列番号：1の塩基配列において523位の塩基Aから2478位の塩基CからなるDNA、配列番号：3の塩基配列において523位の塩基Aから1278位の塩基GからなるDNA、および配列番号：16の塩基配列において11位の塩基Aから1996位の塩基AからなるDNAを包含する。

本発明のDNAはまた、配列番号：1、3、または16に示す塩基配列からなるDNAとストリン杰ントな条件下でハイブリダイズするDNAであり、且つ上記本発明のタンパク質と機能的に同等なタンパク質をコードするDNAを含む。

ストリン杰ントな条件としては、当業者であれば適宜選択することができるが、例えば低ストリン杰ントな条件が挙げられる。低ストリン杰ントの条件とは、例えば42°C、2×SSC、0.1%SDSが挙げられ、好ましくは50°C、2×SSC、0.1%SDSである。またより好ましくは、高ストリン杰ントな条件が挙げられる。高ストリン杰ントな条件とは、例えば65°C、2×SSC及び0.1%SDSが挙げられ

る。これらの条件において、温度を上げる程に高い相同意を有する DNA を得ることができる。上記のハイブリダイズする DNA は好ましくは天然由来の DNA、例えば cDNA 又は染色体 DNA であつてよい。

また、本発明は、本発明の DNA が挿入されたベクターを提供する。本発明のベクターとしては、宿主細胞内において本発明の DNA を保持したり、本発明のタンパク質を発現させるために有用である。

ベクターとしては、例えば、大腸菌を宿主とする場合には、ベクターを大腸菌（例えば、JM109、DH5 α 、HB101、XL1Blue）などで大量に増幅させ大量調製するために、大腸菌で増幅されるための「ori」をもち、さらに形質転換された大腸菌の選抜遺伝子（例えば、なんらかの薬剤（アンビシリンやテトラサイクリン、カナマイシン、クロラムフェニコール）により判別できるような薬剤耐性遺伝子）を有すれば特に制限はない。ベクターの例としては、M13 系ベクター、pUC 系ベクター、pBR322、pBluescript、pCR-Script などが挙げられる。また、cDNA のサブクローニング、切り出しを目的とした場合、上記ベクターの他に、例えば、pGEM-T、pDIRECT、pT7 などが挙げられる。本発明のタンパク質を生産する目的においてベクターを使用する場合には、特に、発現ベクターが有用である。発現ベクターとしては、例えば、大腸菌での発現を目的とした場合は、ベクターが大腸菌で増幅されるような上記特徴を持つほかに、宿主を JM109、DH5 α 、HB101、XL1-Blue などの大腸菌とした場合においては、大腸菌で効率よく発現できるようなプロモーター、例えば、lacZ プロモーター (Ward ら, Nature (1989) 341, 544-546; FASEB J. (1992) 6, 2422-2427)、araB プロモーター (Better ら, Science (1988) 240, 1041-1043)、または T7 プロモーターなどを持っていることが不可欠である。このようなベクターとしては、上記ベクターの他に pGEX-5X-1 (Pharmacia 社製)、「QIAexpress system」(Qiagen 社製)、pEGFP、または pET(この場合、宿主は T7 RNA ポリメラーゼを発現している BL21 が好ましい)などが挙げられる。

また、ベクターには、ポリペプチド分泌のためのシグナル配列が含まれていて

もよい。タンパク質分泌のためのシグナル配列としては、大腸菌のペリプラズムに産生させる場合、pelB シグナル配列 (Lei, S. P. et al J. Bacteriol. (1987) 169, 4379) を使用すればよい。宿主細胞へのベクターの導入は、例えば塩化カルシウム法、エレクトロポレーション法を用いて行うことができる。

大腸菌以外にも、例えば、本発明のタンパク質を製造するために、哺乳動物由来の発現ベクター（例えば、pcDNA3(Invitrogen 社製) や、pEGF-BOS(Nucleic Acids. Res. 1990, 18(17), p5322)、pEF、pCDM8)、昆虫細胞由来の発現ベクター（例えば「Bac-to-BAC baculovirus expression system」(GIBCO BRL 社製)、pBacPA K8)、植物由来の発現ベクター（例えば pMH1、pMH2）、動物ウィルス由来の発現ベクター（例えば、pHSV、pMV、pAdexLcw）、レトロウィルス由来の発現ベクター（例えば、pZIpneo）、酵母由来の発現ベクター（例えば、「Pichia Expression Kit」(In Vitrogen 社製)、pNV11、SP-Q01)、枯草菌由来の発現ベクター（例えば、pPL60 8、pKTH50）が挙げられる。

CHO 細胞、COS 細胞、NIH3T3 細胞等の動物細胞での発現を目的とした場合には、細胞内で発現させるために必要なプロモーター、例えば SV40 プロモーター (Mulligan ら, Nature (1979) 277, 108)、MMLV-LTR プロモーター、EF1 α プロモーター (Mizushima ら, Nucleic Acids Res. (1990) 18, 5322)、CMV プロモーターなどを持っていることが不可欠であり、細胞への形質転換を選抜するための遺伝子（例えば、薬剤（ネオマイシン、G418 など）により判別できるような薬剤耐性遺伝子）を有すればさらに好ましい。このような特性を有するベクターとしては、例えば、pMAM、pDR2、pBK-RSV、pBK-CMV、pOPRSV、pOP13 などが挙げられる。

さらに、遺伝子を安定的に発現させ、かつ、細胞内での遺伝子のコピー数の増幅を目的とする場合には、核酸合成経路を欠損した CHO 細胞にそれを相補する DH FR 遺伝子を有するベクター（例えば、pCHOI など）を導入し、メトトレキセート (MTX) により増幅させる方法が挙げられ、また、遺伝子の一過性の発現を目的とする場合には、SV40 T 抗原を発現する遺伝子を染色体上に持つ COS 細胞を用いて

SV40 の複製機転を持つベクター (pcD など) で形質転換する方法が挙げられる。複製開始点としては、また、ポリオーマウィルス、アデノウィルス、ウシパピローマウィルス (BPV) 等の由来のものを用いることもできる。さらに、宿主細胞系で遺伝子コピー数増幅のため、発現ベクターは選択マーカーとして、アミノグリコシドトランスフェラーゼ (APH) 遺伝子、チミジンキナーゼ (TK) 遺伝子、大腸菌キサンチングアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ (Ecogpt) 遺伝子、ジヒドロ葉酸還元酵素 (dhfr) 遺伝子等を含むことができる。

一方、動物の生体内で本発明の DNA を発現させる方法としては、本発明の DNA を適当なベクターに組み込み、レトロウイルス法、リポソーム法、カチオニックリポソーム法、アデノウイルス法などにより生体内に導入する方法などが挙げられる。これにより、本発明の NR10 遺伝子の変異に起因する疾患に対する遺伝子治療を行うことが可能である。用いられるベクターとしては、例えば、アデノウイルスベクター (例えば pAdexlcw) やレトロウイルスベクター(例えば pZIPneo) などが挙げられるが、これらに制限されない。ベクターへの本発明の DNA の挿入などの一般的な遺伝子操作は、常法に従って行うことが可能である (Molecular Cloning ,5.61-5.63)。生体内への投与は、ex vivo 法であっても、in vivo 法であってもよい。

また、本発明は、本発明の DNA を発現可能の保持する形質転換体を提供する。本発明のベクターが導入される宿主細胞としては特に制限はなく、例えば、大腸菌や種々の動物細胞などを用いることが可能である。本発明の形質転換体は、例えば、本発明のタンパク質の製造や発現のための產生系として使用することができる。タンパク質製造のための產生系は、in vitro および in vivo の產生系がある。in vitro の產生系としては、真核細胞を使用する產生系や原核細胞を使用する產生系が挙げられる。

真核細胞を使用する場合、例えば、動物細胞、植物細胞、真菌細胞を宿主に用いることができる。動物細胞としては、哺乳類細胞、例えば、CHO (J. Exp. Med.

- 21 -

(1995) 108, 945)、COS、3T3、ミエローマ、BHK (baby hamster kidney)、HeLa、Vero、両生類細胞、例えばアフリカツメガエル卵母細胞 (Valle, et al., Nature (1981) 291, 358-340)、あるいは昆虫細胞、例えば、sf9、sf21、Tn5 が知られている。CHO 細胞としては、特に、DHFR 遺伝子を欠損した CHO 細胞である dhfr-CHO (Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1980) 77, 4216-4220) や CHO K-1 (Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1968) 60, 1275) を好適に使用することができる。動物細胞において、大量発現を目的とする場合には特に CHO 細胞が好ましい。宿主細胞へのベクターの導入は、例えば、リン酸カルシウム法、DEAE デキストラン法、カチオニックリボソーム DOTAP (ペーリンガーマンハイム社製) を用いた方法、エレクトロポーレーション法、リポフェクションなどの方法で行うことが可能である。

植物細胞としては、例えば、ニコチアナ・タバコ (Nicotiana tabacum) 由来の細胞がタンパク質生産系として知られており、これをカルス培養すればよい。真菌細胞としては、酵母、例えば、サッカロミセス (Saccharomyces) 属、例えば、サッカロミセス・セレビシエ (Saccharomyces cerevisiae)、糸状菌、例えば、アスペルギルス (Aspergillus) 属、例えば、アスペルギルス・ニガー (Aspergillus niger) が知られている。

原核細胞を使用する場合、細菌細胞を用いる產生系がある。細菌細胞としては、大腸菌 (E. coli)、例えば、JM109、DH5 α 、HB101 等が挙げられ、その他、枯草菌が知られている。

これらの細胞を目的とする DNA により形質転換し、形質転換された細胞を *in vitro* で培養することによりタンパク質が得られる。培養は、公知の方法に従い行うことができる。例えば、動物細胞の培養液として、例えば、DMEM、MEM、RPMI 1640、IMDM を使用することができる。その際、牛胎児血清 (FCS) 等の血清補液を併用することもできるし、無血清培養してもよい。培養時の pH は、約 6~8 であるのが好ましい。培養は、通常、約 30~40°C で約 15~200 時間行い、必要に応じ

て培地の交換、通気、攪拌を加える。

一方、*in vivo* でタンパク質を産生させる系としては、例えば、動物を使用する産生系や植物を使用する産生系が挙げられる。これらの動物又は植物に目的とする DNA を導入し、動物又は植物の体内でタンパク質を産生させ、回収する。本発明における「宿主」とは、これらの動物、植物を包含する。

動物を使用する場合、哺乳類動物、昆虫を用いる産生系がある。哺乳類動物としては、ヤギ、ブタ、ヒツジ、マウス、ウシを用いることができる (Vicki Glaser, SPECTRUM Biotechnology Applications, 1993)。また、哺乳類動物を用いる場合、トランスジェニック動物を用いることができる。

例えば、目的とする DNA を、ヤギ β カゼインのような乳汁中に固有に産生されるタンパク質をコードする遺伝子との融合遺伝子として調製する。次いで、この融合遺伝子を含む DNA 断片をヤギの胚へ注入し、この胚を雌のヤギへ移植する。胚を受容したヤギから生まれるトランスジェニックヤギ又はその子孫が産生する乳汁から、目的のタンパク質を得ることができる。トランスジェニックヤギから産生されるタンパク質を含む乳汁量を増加させるために、適宜ホルモンをトランスジェニックヤギに使用してもよい (Ebert, K.M. et al., Bio/Technology (1994) 12, 699-702)。

また、昆虫としては、例えばカイコを用いることができる。カイコを用いる場合、目的のタンパク質をコードする DNA を挿入したバキュロウィルスをカイコに感染させることにより、このカイコの体液から目的のタンパク質を得ることができる (Susumu, M. et al., Nature (1985) 315, 592-594)。

さらに、植物を使用する場合、例えばタバコを用いることができる。タバコを用いる場合、目的とするタンパク質をコードする DNA を植物発現用ベクター、例えば pMON 530 に挿入し、このベクターをアグロバクテリウム・ツメファシエンス (*Agrobacterium tumefaciens*) のようなバクテリアに導入する。このバクテリアをタバコ、例えば、ニコチアナ・タバカム (*Nicotiana tabacum*) に感染させ、本

タバコの葉より所望のポリペプチドを得ることができる (Julian K.-C. Ma et al., Eur. J. Immunol. (1994) 24, 131-138)。

これにより得られた本発明のタンパク質は、宿主細胞内または細胞外（培地など）から単離し、実質的に純粋で均一なタンパク質として精製することができる。タンパク質の分離、精製は、通常のタンパク質の精製で使用されている分離、精製方法を使用すればよく、何ら限定されるものではない。例えば、クロマトグラフィーカラム、フィルター、限外濾過、塩析、溶媒沈殿、溶媒抽出、蒸留、免疫沈降、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動、等電点電気泳動法、透析、再結晶等を適宜選択、組み合わせればタンパク質を分離、精製することができる。

クロマトグラフィーとしては、例えばアフィニティーコロマトグラフィー、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、ゲル濾過、逆相クロマトグラフィー、吸着クロマトグラフィー等が挙げられる (Strategies for Protein Purification and Characterization: A Laboratory Course Manual. Ed Daniel R. Marshak et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1996)。これらのクロマトグラフィーは、液相クロマトグラフィー、例えば HPLC、FPLC 等の液相クロマトグラフィーを用いて行うことができる。本発明は、これらの精製方法を用い、高度に精製されたタンパク質も包含する。

なお、タンパク質を精製前又は精製後に適当なタンパク質修飾酵素を作用させることにより、任意に修飾を加えたり部分的にペプチドを除去することもできる。タンパク質修飾酵素としては、例えば、トリプシン、キモトリプシン、リシリエンドペプチダーゼ、プロテインキナーゼ、グルコシダーゼなどが用いられる。

また、本発明は、本発明のタンパク質と結合する抗体を提供する。本発明の抗体の形態には、特に制限はなく、ポリクローナル抗体の他、モノクローナル抗体も含まれる。また、ウサギなどの免疫動物に本発明のタンパク質を免疫して得た抗血清、すべてのクラスのポリクローナル抗体およびモノクローナル抗体、さらにヒト抗体や遺伝子組み換えによるヒト型化抗体も含まれる。

抗体取得の感作抗原として使用される本発明のタンパク質は、その由来となる動物種に制限されないが哺乳動物、例えばヒト、マウス又はラット由来のタンパク質が好ましく、特にヒト由来のタンパク質が好ましい。ヒト由来のタンパク質は、本明細書に開示される遺伝子配列又はアミノ酸配列を用いて得ることができる。

本発明において、感作抗原として使用されるタンパク質は、完全なタンパク質であってもよいし、また、タンパク質の部分ペプチドであってもよい。タンパク質の部分ペプチドとしては、例えば、タンパク質のアミノ基(N)末端断片やカルボキシ(C)末端断片が挙げられる。本明細書で述べる「抗体」とはタンパク質の全長又は断片に反応する抗体を意味する。

本発明のタンパク質又はその断片をコードする遺伝子を公知の発現ベクター系に挿入し、該ベクターで本明細書で述べた宿主細胞を形質転換させ、該宿主細胞内外から目的のタンパク質又はその断片を公知の方法で得て、これらを感作抗原として用いればよい。また、タンパク質を発現する細胞又はその溶解物あるいは化学的に合成した本発明のタンパク質を感作抗原として使用してもよい。

感作抗原で免疫される哺乳動物としては、特に限定されるものではないが、細胞融合に使用する親細胞との適合性を考慮して選択するのが好ましく、一般的には、げっ歯目、ウサギ目、靈長目の動物が使用される。

げっ歯目の動物としては、例えば、マウス、ラット、ハムスター等が使用される。ウサギ目の動物としては、例えば、ウサギが使用される。靈長目の動物としては、例えば、サルが使用される。サルとしては、狭鼻下目のサル(旧世界ザル)、例えば、カニクイザル、アカゲザル、マントヒヒ、チンパンジー等が使用される。

感作抗原を動物に免疫するには、公知の方法にしたがって行われる。一般的方法としては、感作抗原を哺乳動物の腹腔内又は皮下に注射する。具体的には、感作抗原を PBS(Phosphate-Buffered Saline)や生理食塩水等で適量に希釈、懸濁したものに対し、所望により通常のアジュバント、例えば、フロイント完全アジ

- 25 -

ユバントを適量混合し、乳化後、哺乳動物に投与する。さらに、その後、フロイント不完全アジュバントに適量混合した感作抗原を、4~21日毎に数回投与することが好ましい。また、感作抗原免疫時に適當な担体を使用することができる。このように免疫し、血清中に所望の抗体レベルが上昇するのを常法により確認する。

ここで、本発明のタンパク質に対するポリクローナル抗体を得るには、血清中の所望の抗体レベルが上昇したことを確認した後、抗原を感作した哺乳動物の血液を取り出す。この血液から公知の方法により血清を分離する。ポリクローナル抗体としては、ポリクローナル抗体を含む血清を使用してもよいし、必要に応じこの血清からポリクローナル抗体を含む画分をさらに単離して、これを使用してもよい。例えば、本発明のタンパク質をカップリングさせたアフィニティーカラムを用いて、本発明のタンパク質のみを認識する画分を得て、さらにこの画分をプロテイン Aあるいはプロテイン G カラムを利用して精製することにより、免疫グロブリン G あるいは M を調製することができる。

モノクローナル抗体を得るには、上記抗原を感作した哺乳動物の血清中に所望の抗体レベルが上昇するのを確認した後に、哺乳動物から免疫細胞を取り出し、細胞融合に付せばよい。この際、細胞融合に使用される好ましい免疫細胞として、特に脾細胞が挙げられる。前記免疫細胞と融合される他方の親細胞としては、好ましくは哺乳動物のミエローマ細胞、より好ましくは、薬剤による融合細胞選別のための特性を獲得したミエローマ細胞が挙げられる。

前記免疫細胞とミエローマ細胞の細胞融合は基本的には公知の方法、例えば、ミルステインらの方法(Galfre, G. and Milstein, C., Methods Enzymol. (1981) 73, 3-46)等に準じて行うことができる。

細胞融合により得られたハイブリドーマは、通常の選択培養液、例えば、HAT 培養液（ヒボキサンチン、アミノブテリンおよびチミジンを含む培養液）で培養することにより選択される。当該 HAT 培養液での培養は、目的とするハイブリド

ーマ以外の細胞（非融合細胞）が死滅するのに十分な時間、通常、数日・数週間継続して行う。次いで、通常の限界希釈法を実施し、目的とする抗体を產生するハイブリドーマのスクリーニングおよびクローニングを行う。

また、ヒト以外の動物に抗原を免疫して上記ハイブリドーマを得る他に、ヒトリンパ球、例えばEB ウィルスに感染したヒトリンパ球を *in vitro* でタンパク質、タンパク質発現細胞又はその溶解物で感作し、感作リンパ球をヒト由来の永久分裂能を有するミエローマ細胞、例えば U266 と融合させ、タンパク質への結合活性を有する所望のヒト抗体を產生するハイブリドーマを得ることもできる（特開昭63-17688号公報）。

次いで、得られたハイブリドーマをマウス腹腔内に移植し、同マウスより腹水を回収し、得られたモノクローナル抗体を、例えば、硫安沈殿、プロテイン A、プロテイン G カラム、DEAE イオン交換クロマトグラフィー、本発明のタンパク質をカップリングしたアフィニティーカラムなどにより精製することで調製することが可能である。本発明の抗体は、本発明のタンパク質の精製、検出に用いられる他、本発明のタンパク質のアゴニストやアンタゴニストの候補になる。また、この抗体を本発明のタンパク質が関与する疾患の抗体治療へ応用することも考えられる。得られた抗体を人体に投与する目的（抗体治療）で使用する場合には、免疫原性を低下させるため、ヒト抗体やヒト型抗体が好ましい。

例えば、ヒト抗体遺伝子のレパートリーを有するトランスジェニック動物に抗原となるタンパク質、タンパク質発現細胞又はその溶解物を免疫して抗体產生細胞を取得し、これをミエローマ細胞と融合させたハイブリドーマを用いてタンパク質に対するヒト抗体を取得することができる（国際公開番号 WO92-03918、W093-2227、W094-02602、W094-25585、W096-33735 および W096-34096 参照）。

ハイブリドーマを用いて抗体を產生する以外に、抗体を產生する感作リンパ球等の免疫細胞を癌遺伝子(oncogene)により不死化させた細胞を用いてよい。

このように得られたモノクローナル抗体はまた、遺伝子組換え技術を用いて産

生させた組換え型抗体として得ることができる（例えば、Borrebaeck, C. A. K. and Larrick, J. W., THERAPEUTIC MONOCLONAL ANTIBODIES, Published in the United Kingdom by MACMILLAN PUBLISHERS LTD, 1990 参照）。組換え型抗体は、それをコードする DNA をハイブリドーマ又は抗体を产生する感作リンパ球等の免疫細胞からクローニングし、適当なベクターに組み込んで、これを宿主に導入し産生させる。本発明は、この組換え型抗体を包含する。

さらに、本発明の抗体は、本発明のタンパク質に結合する限り、その抗体断片や抗体修飾物であってよい。例えば、抗体断片としては、Fab、F(ab')₂、Fv 又は H鎖と L鎖の Fv を適当なリンカーで連結させたシングルチェイン Fv(scFv) (Huston, J. S. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. (1988) 85, 5879-5883) が挙げられる。具体的には、抗体を酵素、例えば、パパイン、ペプシンで処理し抗体断片を生成させるか、又は、これら抗体断片をコードする遺伝子を構築し、これを発現ベクターに導入した後、適当な宿主細胞で発現させる（例えば、Co, M. S. et al., J. Immunol. (1994) 152, 2968-2976 ; Better, M. and Horwitz, A. H., Methods Enzymol. (1989) 178, 476-496 ; Pluckthun, A. and Skerra, A., Methods Enzymol. (1989) 178, 497-515 ; Lamoyi, E., Methods Enzymol. (1986) 121, 652-663 ; Rousseaux, J. et al., Methods Enzymol. (1986) 121, 663-669 ; Bird, R. E. and Walker, B. W., Trends Biotechnol. (1991) 9, 132-137 参照）。

抗体修飾物として、ポリエチレングリコール (PEG) 等の各種分子と結合した抗体を使用することもできる。本発明の「抗体」にはこれらの抗体修飾物も包含される。このような抗体修飾物を得るには、得られた抗体に化学的な修飾を施すことによって得ることができる。これらの方法はこの分野において既に確立されている。

また、本発明の抗体は、公知の技術を使用して非ヒト抗体由来の可変領域とヒト抗体由来の定常領域からなるキメラ抗体又は非ヒト抗体由来の CDR (相補性決

定領域)とヒト抗体由来のFR(フレームワーク領域)及び定常領域からなるヒト型化抗体として得ることができる。

前記のように得られた抗体は、均一にまで精製することができる。本発明で使用される抗体の分離、精製は通常のタンパク質で使用されている分離、精製方法を使用すればよい。例えば、アフィニティーコロマトグラフィー等のクロマトグラフィーカラム、フィルター、限外濾過、塩析、透析、SDSポリアクリルアミドゲル電気泳動、等電点電気泳動等を適宜選択、組み合わせれば、抗体を分離、精製することができる(Antibodies : A Laboratory Manual. Ed Harlow and David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988)が、これらに限定されるものではない。上記で得られた抗体の濃度測定は吸光度の測定又は酵素結合免疫吸着検定法(Enzyme-linked immunosorbent assay ; ELISA)等により行うことができる。

アフィニティーコロマトグラフィーに用いるカラムとしては、プロテインAカラム、プロテインGカラムが挙げられる。例えば、プロテインAカラムを用いたカラムとして、Hyper D, POROS, Sepharose F. F.(Pharmacia)等が挙げられる。

アフィニティーコロマトグラフィー以外のクロマトグラフィーとしては、例えば、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、ゲル濾過、逆相クロマトグラフィー、吸着クロマトグラフィー等が挙げられる(Strategies for Protein Purification and Characterization : A Laboratory Course Manual. Ed Daniel R. Marshak et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1996)。これらのクロマトグラフィーはHPLC、FPLC等の液相クロマトグラフィーを用いて行うことができる。

また、本発明の抗体の抗原結合活性を測定する方法として、例えば、吸光度の測定、酵素結合免疫吸着検定法(Enzyme-linked immunosorbent assay ; ELISA)、RIA(酵素免疫測定法)、RIA(放射免疫測定法)あるいは蛍光抗体法を用いることができる。ELISAを用いる場合、本発明の抗体を固相化したプレートに本発明のタンパク質を添加し、次いで目的の抗体を含む試料、例えば、抗体産生細胞の培

養上清や精製抗体を加える。酵素、例えば、アルカリリフォスファターゼ等で標識した抗体を認識する二次抗体を添加し、プレートをインキュベーションし、次いで洗浄した後、p-ニトロフェニル磷酸などの酵素基質を加えて吸光度を測定することで抗原結合活性を評価することができる。タンパク質としてタンパク質の断片、例えばそのC末端からなる断片あるいはN末端からなる断片を使用してもよい。本発明の抗体の活性評価には、BIAcore(Pharmacia 製)を使用することができる。

これらの手法を用いることにより、本発明の抗体と試料中に含まれる本発明のタンパク質が含まれると予想される試料とを接触せしめ、該抗体と該タンパク質との免疫複合体を検出又は測定することからなる、本発明のタンパク質の検出又は測定方法を実施することができる。

本発明のタンパク質の検出又は測定方法は、タンパク質を特異的に検出又は測定することができるため、タンパク質を用いた種々の実験等に有用である。

本発明はまた、ヒト NR10 タンパク質をコードする DNA (配列番号 : 1、3、または 16) またはその相補鎖に相補的な少なくとも 15 ヌクレオチドを含むポリヌクレオチドを提供する。

ここで「相補鎖」とは、A:T、G:C の塩基対からなる 2 本鎖 DNA の一方の鎖に対する他方の鎖を指す。また、「相補的」とは、少なくとも 15 個の連続したヌクレオチド領域で完全に相補配列である場合に限られず、少なくとも 70%、好ましくは少なくとも 80%、より好ましくは 90%、さらに好ましくは 95% 以上の塩基配列上の相同性を有すればよい。相同性を決定するためのアルゴリズムは本明細書に記載したものを使用すればよい。

このようなポリヌクレオチドには、本発明のタンパク質をコードする DNA の検出や增幅に用いるプローブやプライマー、本発明のタンパク質の発現を抑制するためのヌクレオチド又はヌクレオチド誘導体（例えば、アンチセンスオリゴヌクレオチドやリボザイム等）が含まれる。また、このようなポリヌクレオチドは、D

NAチップの作製に利用することもできる。

アンチセンスオリゴヌクレオチドとしては、例えば、配列番号：1、3、または16の塩基配列中のいずれかの箇所にハイブリダイズするアンチセンスオリゴヌクレオチドが含まれる。このアンチセンスオリゴヌクレオチドは、好ましくは配列番号：1、3、または16の塩基配列中の連続する少なくとも15個以上のヌクレオチドに対するアンチセンスオリゴヌクレオチドである。さらに好ましくは、連続する少なくとも15個以上のヌクレオチドが翻訳開始コドンを含むアンチセンスオリゴヌクレオチドである。

アンチセンスオリゴヌクレオチドとしては、それらの誘導体や修飾体を使用することができる。修飾体として、例えばメチルホスホネート型又はエチルホスホネート型のような低級アルキルホスホネート修飾体、ホスホロチオエート修飾体又はホスホロアミデート修飾体等が挙げられる。

アンチセンスオリゴヌクレオチドは、DNA又はmRNAの所定の領域を構成するヌクレオチドに対応するヌクレオチドが全て相補配列であるもののみならず、DNAまたはmRNAとオリゴヌクレオチドとが配列番号：1、3、または16に示される塩基配列に特異的にハイブリダイズできる限り、1又は複数個のヌクレオチドのミスマッチが存在していてもよい。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体は、本発明のタンパク質の產生細胞に作用して、該タンパク質をコードするDNA又はmRNAに結合することにより、その転写又は翻訳を阻害したり、mRNAの分解を促進したりして、本発明のタンパク質の発現を抑制することにより、結果的に本発明のタンパク質の作用を抑制する効果を有する。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体は、それらに対して不活性な適当な基剤と混和して塗布剤、パップ剤等の外用剤とすることができます。

また、必要に応じて、賦形剤、等張化剤、溶解補助剤、安定化剤、防腐剤、無痛化剤等を加えて錠剤、散財、顆粒剤、カプセル剤、リポソームカプセル剤、注

射剤、液剤、点鼻剤など、さらに凍結乾燥剤とすることができます。これらは常法にしたがって調製することができる。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体は患者の患部に直接適用するか、又は血管内に投与するなどして結果的に患部に到達し得るように患者に適用する。さらには、持続性、膜透過性を高めるアンチセンス封入素材を用いることもできる。例えば、リポソーム、ポリ-L-リジン、リピッド、コレステロール、リポフェクチン又はこれらの誘導体が挙げられる。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体の投与量は、患者の状態に応じて適宜調整し、好ましい量を用いることができる。例えば、0.1~100mg/kg、好ましくは0.1~50mg/kgの範囲で投与することができる。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドは本発明のタンパク質の発現を阻害し、従って本発明のタンパク質の生物学的活性を抑制することにおいて有用である。また、本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドを含有する発現阻害剤は、本発明のタンパク質の生物学的活性を抑制することが可能である点で有用である。

本発明の蛋白質は、これに結合する化合物のスクリーニングに有用である。すなわち、本発明の蛋白質と、該蛋白質に結合する化合物を含むと予想される被検試料とを接触せしめ、そして本発明の蛋白質と該化合物との結合活性を検出し、本発明の蛋白質に結合する活性を有する化合物を選択する、ことからなる本発明の蛋白質に結合する化合物をスクリーニングする方法において使用される。

スクリーニングに用いられる本発明のタンパク質は組換えタンパク質であっても、天然由来のタンパク質であってもよい。また部分ペプチドであってもよい。また細胞表面に発現させた形態、または膜画分としての形態であってもよい。被検試料としては特に制限はなく、例えば、細胞抽出物、細胞培養上清、発酵微生物産生物、海洋生物抽出物、植物抽出物、精製若しくは粗精製タンパク質、ペプチド、非ペプチド性化合物、合成低分子化合物、天然化合物が挙げられる。被検試料を接触させる本発明のタンパク質は、例えば、精製したタンパク質として、

可溶型タンパク質として、担体に結合させた形態として、他のタンパク質との融合タンパク質として、細胞膜上に発現させた形態として、また、膜画分として被検試料に接触させることができる。

本発明のタンパク質を用いて、例えば該タンパク質に結合するタンパク質（リガンド等）をスクリーニングする方法としては、当業者に公知の多くの方法を用いることが可能である。このようなスクリーニングは、例えば、免疫沈降法により行うことができる。具体的には、以下のように行うことができる。本発明のタンパク質をコードする遺伝子を、pSV2neo, pcDNA I, pCD8などの外来遺伝子発現用のベクターに挿入することで動物細胞などで当該遺伝子を発現させる。発現に用いるプロモーターとしてはSV40 early promoter(Rigby In Williamson (ed.), Genetic Engineering, Vol.3. Academic Press, London, p.83-141(1982)), EF-1 α promoter(Kimら Gene 91, p.217-223 (1990)), CAG promoter(Niwa et al. Gene 108, p.193-200 (1991)), RSV LTR promoter(Cullen Methods in Enzymology 152, p.684-704 (1987)), SR α promoter(Takebe et al. Mol. Cell. Biol. 8, p.466 (1988)), CMV immediate early promoter (Seed and Aruffo Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84, p.3365-3369 (1987)), SV40 late promoter(Gheyse n and Fiers J. Mol. Appl. Genet. 1, p.385-394 (1982)), Adenovirus late promoter(Kaufman et al. Mol. Cell. Biol. 9, p. 946 (1989)), HSV TK promoter 等の一般的に使用できるプロモーターであれば何を用いてもよい。動物細胞に遺伝子を導入することで外来遺伝子を発現させるためには、エレクトロボレーション法(Chu, G. et al. Nucl. Acid Res. 15, 1311-1326 (1987))、リン酸カルシウム法(Chen, C and Okayama, H. Mol. Cell. Biol. 7, 2745-2752 (1987))、D EAE テキストラン法(Lopata, M. A. et al. Nucl. Acids Res. 12, 5707-5717 (1984); Sussman, D. J. and Milman, G. Mol. Cell. Biol. 4, 1642-1643 (1985))、リポフェクチン法(Derijard, B. Cell 7, 1025-1037 (1994); Lamb, B. T. et al. Nature Genetics 5, 22-30 (1993); Rabindran, S. K. et al. Science

259, 230-234 (1993))等の方法があるが、いずれの方法によってもよい。特異性の明らかとなっているモノクローナル抗体の認識部位（エピトープ）を本発明のタンパク質の N 末または C 末に導入することにより、モノクローナル抗体の認識部位を有する融合タンパク質として本発明のタンパク質を発現させることができる。用いるエピトープ一抗体系としては市販されているものを利用することができる（実験医学 13, 85-90 (1995)）。マルチクローニングサイトを介して、 β -ガラクトシダーゼ、マルトース結合タンパク質、グルタチオン S-トランスフェラーゼ、緑色蛍光タンパク質 (GFP) などとの融合タンパク質を発現することができるベクターが市販されている。

融合タンパク質にすることにより本発明のタンパク質の性質をできるだけ変化させないようにするために数個から十数個のアミノ酸からなる小さなエピトープ部分のみを導入して、融合タンパク質を調製する方法も報告されている。例えば、ポリヒスチジン (His-tag)、インフルエンザ凝集素 HA、ヒト c-myc、FLAG、Vesicular stomatitis ウィルス糖タンパク質 (VSV-GP)、T7 gene10 タンパク質 (T7-tag)、ヒト単純ヘルペスウィルス糖タンパク質 (HSV-tag)、E-tag (モノクローナルファージ上のエピトープ) などのエピトープとそれを認識するモノクローナル抗体を、本発明のタンパク質に結合するタンパク質のスクリーニングのためのエピトープ-抗体系として利用できる（実験医学 13, 85-90 (1995)）。

免疫沈降においては、これらの抗体を、適当な界面活性剤を利用して調製した細胞溶解液に添加することにより免疫複合体を形成させる。この免疫複合体は本発明のタンパク質、それと結合能を有するタンパク質、および抗体からなる。上記エピトープに対する抗体を用いる以外に、本発明のタンパク質に対する抗体を利用して免疫沈降を行うことも可能である。本発明のタンパク質に対する抗体は、例えば、本発明のタンパク質をコードする遺伝子を適当な大腸菌発現ベクターに導入して大腸菌内で発現させ、発現させたタンパク質を精製し、これをウサギやマウス、ラット、ヤギ、ニワトリなどに免疫することで調製することができる。

また、合成した本発明のタンパク質の部分ペプチドを上記の動物に免疫することによって調製することもできる。

免疫複合体は、例えば、抗体がマウス IgG 抗体であれば、Protein A Sepharose や Protein G Sepharose を用いて沈降させることができる。また、本発明のタンパク質を、例えば、GST などのエピトープとの融合タンパク質として調製した場合には、グルタチオン-Sepharose 4B などのこれらエピトープに特異的に結合する物質を利用して、本発明のタンパク質の抗体を利用した場合と同様に、免疫複合体を形成させることができる。

免疫沈降の一般的な方法については、例えば、文献 (Harlow, E. and Lane, D.: *Antibodies*, pp.511-552, Cold Spring Harbor Laboratory publications, New York (1988)) 記載の方法に従って、または準じて行えばよい。

免疫沈降されたタンパク質の解析には SDS-PAGE が一般的であり、適当な濃度のゲルを用いることでタンパク質の分子量により結合していたタンパク質を解析することができる。また、この際、一般的には本発明のタンパク質に結合したタンパク質は、クマシー染色や銀染色といったタンパク質の通常の染色法では検出することは困難であるので、放射性同位元素である ³⁵S-メチオニンや ³⁵S-システインを含んだ培養液で細胞を培養し、該細胞内のタンパク質を標識して、これを検出することで検出感度を向上させることができる。タンパク質の分子量が判明すれば直接 SDS-ポリアクリルアミドゲルから目的のタンパク質を精製し、その配列を決定することもできる。

また、本発明のタンパク質を用いた、これに結合するタンパク質の単離は、例えば、ウエストウエスタンブロッティング法 (Skolnik, E. Y. et al., Cell (1991) 65, 83-90) を用いて行うことができる。すなわち、本発明のタンパク質と結合する結合タンパク質を発現していることが予想される細胞、組織、臓器(例えば心臓、胎盤、精巣、胸腺、抹消血白血球などの組織・細胞や培養細胞など)よりファージベクター (λ gt11, ZAP など) を用いた cDNA ライブラリーを作製し、こ

れを LB-アガロース上で発現させフィルターに発現させたタンパク質を固定し、精製して標識した本発明のタンパク質と上記フィルターとを反応させ、本発明のタンパク質と結合したタンパク質を発現するplaquesを標識により検出すればよい。本発明のタンパク質を標識する方法としては、ビオチンとアビシンの結合性を利用する方法、本発明のタンパク質又は本発明のタンパク質に融合したペプチド又はポリペプチド(例えばGSTなど)に特異的に結合する抗体を利用する方法、ラジオアイソトープを利用する方法又は蛍光を利用する方法等が挙げられる。

また、本発明のスクリーニング方法の他の態様としては、細胞を用いた2-ハイブリッドシステム(Fields, S., and Sternglanz, R., Trends. Genet. (1994) 10, 286-292、Dalton S, and Treisman R (1992)Characterization of SAP-1, a protein recruited by serum response factor to the c-fos serum response element. Cell 68, 597-612、「MATCHMAKER Two-Hybrid System」、「Mammalian MATCHMAKER Two-Hybrid Assay Kit」、「MATCHMAKER One-Hybrid System」(いずれも Clontech 社製)、「HybriZAP Two-Hybrid Vector System」(Stratagene 社製))を用いて行う方法が挙げられる。2-ハイブリッドシステムにおいては、本発明のタンパク質をSRF DNA結合領域またはGAL4 DNA結合領域と融合させて酵母細胞の中で発現させ、本発明のタンパク質と結合するタンパク質を発現していることが予想される細胞より、VP16 または GAL4 転写活性化領域と融合する形で発現するようなcDNAライブラリーを作製し、これを上記酵母細胞に導入し、検出された陽性クローナンからライブラリー由来cDNAを単離する(酵母細胞内で本発明のタンパク質と結合するタンパク質が発現すると、両者の結合によりレポーター遺伝子が活性化され、陽性のクローナンが確認できる)。単離したcDNAを大腸菌に導入して発現させることにより、該cDNAがコードするタンパク質を得ることができる。これにより本発明のタンパク質に結合するタンパク質またはその遺伝子を調製することが可能である。2-ハイブリッドシステムにおいて用いられるレポーター遺伝子としては、例えば、HIS3遺伝子の他、Ade2遺伝子、LacZ遺伝子、CAT遺伝子、

ルシフェラーゼ遺伝子、PAI-1 (Plasminogen activator inhibitor type1) 遺伝子等が挙げられるが、これらに制限されない。

本発明のタンパク質と結合する化合物のスクリーニングは、アフィニティクロマトグラフィーを用いて行うこともできる。例えば、本発明のタンパク質をアフィニティカラムの担体に固定し、ここに本発明のタンパク質と結合するタンパク質を発現していることが予想される被検試料を適用する。この場合の被検試料としては、例えば細胞抽出物、細胞溶解物等が挙げられる。被検試料を適用した後、カラムを洗浄し、本発明のタンパク質に結合したタンパク質を調製することができる。

得られたタンパク質は、そのアミノ酸配列を分析し、それを基にオリゴDNAを合成し、該DNAをプローブとしてcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、該タンパク質をコードするDNAを得ることができる。

本発明において、結合した化合物を検出又は測定する手段として表面プラズモン共鳴現象を利用したバイオセンサーを使用することもできる。表面プラズモン共鳴現象を利用したバイオセンサーは本発明のタンパク質と被検化合物との間の相互作用を微量のタンパク質を用いてかつ標識することなく、表面プラズモン共鳴シグナルとしてリアルタイムに観察することが可能である（例えば BIACore、Pharmacia 製）。したがって、BIACore 等のバイオセンサーを用いることにより本発明のタンパク質と被検化合物との結合を評価することが可能である。

また、タンパク質に限らず、本発明のタンパク質に結合する化合物（アゴニスト、およびアンタゴニストを含む）を単離する方法としては、例えば、固定した本発明のタンパク質に、合成化合物、天然物バンク、もしくはランダムファージペプチドディスプレイライブラリーを作成させ、本発明のタンパク質に結合する分子をスクリーニングする方法や、コンビナトリアルケミストリー技術によるハイスループットを用いたスクリーニング方法（Wrighton NC; Farrell FX; Chang R; Kashyap AK; Barbone FP; Mulcahy LS; Johnson DL; Barrett RW; Jolliffe

LK; Dower WJ., Small peptides as potent mimetics of the protein hormone erythropoietin, Science (UNITED STATES) Jul 26 1996, 273 p458-64、Verdin e GL., The combinatorial chemistry of nature. Nature (ENGLAND) Nov 7 1996, 384 p11-13、Hogan JC Jr., Directed combinatorial chemistry. Nature (ENGLAND) Nov 7 1996, 384 p17-9) が当業者に公知である。

また、本発明蛋白質に結合するリガンドのスクリーニングは、本発明蛋白質の細胞外ドメインと既知のシグナル伝達能を有するヘモポエチン受容体蛋白質の細胞膜貫通ドメインを含む細胞内ドメインとを連結せしめて作製したキメラ受容体を、適当な細胞株、好ましくは適当な増殖因子の存在下でのみ生存および増殖可能な細胞株（増殖因子依存性細胞株）の細胞表面に発現せしめた後、該細胞株を種々の増殖因子、サイトカイン、または造血因子等を含むことが期待される材料を添加して培養することにより実施可能である。この方法は、被検材料中に本発明蛋白質の細胞外ドメインと特異的に結合するリガンドが存在する場合にのみ、上記増殖因子依存性細胞株が生存および増殖が可能であることを利用している。既知のヘモポエチン受容体としては、例えば、トロンボポエチン受容体、エリスロポエチン受容体、G-CSF 受容体、gp130 等が挙げられるが、本発明のスクリーニング系に用いるキメラ受容体のパートナーは、これら既知のヘモポエチン受容体に限定されるものではなく、細胞質ドメインにシグナル伝達活性に必要な構造を備えているものであれば何を用いても構わない。増殖因子依存性細胞株としては、例えば、BaF3 や FDC-P1 を始めとした IL3 依存性細胞株を利用することが可能である。

本発明の蛋白質と特異的に結合するリガンドとしては、希ではあるが可溶性蛋白質ではなく細胞膜結合型蛋白質である可能性も想定される。この様な場合にはむしろ本発明の蛋白質の細胞外ドメインのみを含む蛋白質あるいは当該細胞外ドメインに他の可溶性蛋白質の部分配列を付加した融合蛋白質を標識後、リガンドを発現していることが期待される細胞との結合を測定することによりスクリーニ

ングすることが可能である。本発明の蛋白質の細胞外ドメインのみを含む蛋白質としては、例えば、細胞膜貫通ドメインのN端側に終止コドンを挿入することにより人為的に作成した可溶性受容体蛋白質、あるいはNR10-2等の可溶型蛋白質が利用可能である。一方、本発明のタンパク質の細胞外ドメインに他の可溶性蛋白質の部分配列を付加した融合蛋白質としては、例えば、免疫グロブリンのFc部位やFLAGペプチド等を細胞外ドメインのC端に付加して調製した蛋白質が利用可能である。これらの可溶性標識蛋白質は上述したウエストウエスタン法における検出にも利用可能である。

例えば、本発明の蛋白質の細胞外領域と抗体(例えばヒト IgG 抗体)のFc領域とのキメラ蛋白質は、プロテインAカラム等を用いて精製することができる。このような抗体様キメラ蛋白質は、リガンドの結合活性を有することから、適宜、放射性同位元素等で標識した後、リガンドのスクリーニングに用いることができる(Suda, T. et al., Cell, 175, 1169-1178 (1993))。また、TNF ファミリー分子などのある種のサイトカインでは、その多くが膜結合型でも存在することから、各種の細胞と抗体様キメラ蛋白質を反応させて、結合活性を示した細胞から、リガンドを単離する事ができる可能性もある。また、cDNA ライブラリーを導入した細胞を用いて同様にリガンドを単離することができる。さらに、抗体様キメラ蛋白質をアンタゴニストとして用いることも可能である。

スクリーニングにより単離され得る化合物は、本発明のタンパク質の活性を促進または阻害するための薬剤の候補となり、本発明のタンパク質の発現異常や機能異常などに起因する疾患の治療への応用が考えられる。本発明のスクリーニング方法を用いて得られる、本発明のタンパク質に結合する活性を有する化合物の構造の一部を、付加、欠失及び／又は置換により変換される物質も、本発明のスクリーニング方法を用いて得られる化合物に含まれる。

本発明のスクリーニング方法を用いて得られる化合物や本発明のタンパク質(デコイ型(可溶性型))をヒトや哺乳動物、例えばマウス、ラット、モルモット、

ウサギ、ニワトリ、ネコ、イヌ、ヒツジ、ブタ、ウシ、サル、マントヒヒ、チンパンジーの医薬として使用する場合には、単離された化合物 자체を直接患者に投与する以外に、公知の製剤学的方法により製剤化して投与を行うことも可能である。例えば、必要に応じて糖衣を施した錠剤、カプセル剤、エリキシル剤、マイクロカプセル剤として経口的に、あるいは水もしくはそれ以外の薬学的に許容し得る液との無菌性溶液、又は懸濁液剤の注射剤の形で非経口的に使用できる。例えば、薬理学上許容される担体もしくは媒体、具体的には、滅菌水や生理食塩水、植物油、乳化剤、懸濁剤、界面活性剤、安定剤、香味剤、賦形剤、ベヒクル、防腐剤、結合剤などと適宜組み合わせて、一般に認められた製薬実施に要求される単位用量形態で混和することによって製剤化することが考えられる。これら製剤における有効成分量は指示された範囲の適當な容量が得られるようにするものである。

錠剤、カプセル剤に混和することができる添加剤としては、例えばゼラチン、コーンスターーチ、トラガントガム、アラビアゴムのような結合剤、結晶性セルロースのような賦形剤、コーンスターーチ、ゼラチン、アルギン酸のような膨化剤、ステアリン酸マグネシウムのような潤滑剤、ショ糖、乳糖又はサッカリンのような甘味剤、ペパーミント、アカモノ油又はチェリーのような香味剤が用いられる。調剤単位形態がカプセルである場合には、上記の材料にさらに油脂のような液状担体を含有することができる。注射のための無菌組成物は注射用蒸留水のようなベヒクルを用いて通常の製剤実施に従って処方することができる。

注射用の水溶液としては、例えば生理食塩水、ブドウ糖やその他の補助薬を含む等張液、例えばD-ソルビトール、D-マンノース、D-マンニトール、塩化ナトリウムが挙げられ、適当な溶解補助剤、例えばアルコール、具体的にはエタノール、ポリアルコール、例えばプロピレングリコール、ポリエチレングリコール、非イオン性界面活性剤、例えばポリソルベート80(TM)、HCO-50と併用してもよい。

油性液としてはゴマ油、大豆油があげられ、溶解補助剤として安息香酸ベンジ

- 40 -

ル、ベンジルアルコールと併用してもよい。また、緩衝剤、例えばリン酸塩緩衝液、酢酸ナトリウム緩衝液、無痛化剤、例えば、塩酸プロカイン、安定剤、例えばベンジルアルコール、フェノール、酸化防止剤と配合してもよい。調製された注射液は通常、適当なアンプルに充填させる。

患者への投与は、例えば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射などのほか、鼻腔内的、経気管支的、筋内的、経皮的、または経口的に当業者に公知の方法により行いうる。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。また、該化合物がDNAによりコードされうるものであれば、該DNAを遺伝子治療用ベクターに組込み、遺伝子治療を行うことも考えられる。投与量、投与方法は、患者の体重や年齢、症状などにより変動するが、当業者であれば適宜選択することが可能である。

例えば、本発明のタンパク質（デコイ型（可溶性型））の投与量は、その1回投与量は投与対象、対象臓器、症状、投与方法によっても異なるが、例えば注射剤の形では通常成人（体重60kgとして）においては、1日あたり約100μgから10～20mgであると考えられる。

例えば、本発明のタンパク質と結合する化合物や本発明のタンパク質の活性を阻害する化合物の投与量は、症状により差異はあるが、経口投与の場合、一般的に成人（体重60kgとして）においては、1日あたり約0.1から100mg、好ましくは約1.0から50mg、より好ましくは約1.0から20mgである。

非経口的に投与する場合は、その1回投与量は投与対象、対象臓器、症状、投与方法によっても異なるが、例えば注射剤の形では通常成人（体重60kgとして）においては、1日あたり約0.01から30mg、好ましくは約0.1から20mg、より好ましくは約0.1から10mg程度を静脈注射により投与するのが好都合である。他の動物の場合も、体重60kg当たりに換算した量、あるいは体表面積あたりに換算した量を投与することができる。

図面の簡単な説明

図1は、gss データベース内に同定した AQ022781 の塩基配列を記載した。予測可能であったエキソン配列の下にアミノ酸配列も併記した。標的とした YR モチーフ配列、及び WS モチーフ配列のアミノ酸をそれぞれ枠で囲って示した。また、塩基配列中、2箇所の n についても枠で囲った。

図2は、AQ022781 配列内に見出した NR10 の部分アミノ酸配列と相同性を示す、既知ヘモボエチン受容体の部分アミノ酸配列をそれぞれ併記した。一致するアミノ酸配列に枠付きの影を施し、また、類似性質を示すアミノ酸配列に影を施した。さらにギャップスペースはバーで補足した。上段から順に、ヒト gp130(Gen Bank Accession#NM002184.1-IL6ST)、ヒト LIF 受容体(GenBank Accession #NM002310.1 LIFR)、ヒト Oncostatin M 受容体ベータサブユニット(Gen Bank Accession#NM003999.1 OSMR)、ヒト IL-12 受容体ベータ2サブユニット(GenBank Accession#NM001559.1 IL12RB2)、及びヒト NR6(GenBank Accession#AC003112)を記載した。

図3は、5'-RACE、及び 3'-RACE によって得られた産物を複合した、NR10.1 の完全長 cDNA の塩基配列を示した。NR10.1 がコードするアミノ酸配列も併記した。また、分泌シグナル配列と予測されるアミノ酸配列に下線を施した。さらに、膜貫通領域と予測されるアミノ酸配列に影を施した。保存されたシステイン残基、及び WS モチーフのアミノ配列を枠付きで示した。

図4は、図3の続きである。

図5は、図4の続きである。

図6は、5'-RACE、及び 3'-RACE によって得られた産物を複合した、NR10.2 の完全長 cDNA の塩基配列を示した。NR10.2 がコードするアミノ酸配列も併記した。また、分泌シグナル配列と予測されるアミノ酸配列に下線を施した。さらに、保存されたシステイン残基、及び WS モチーフのアミノ配列を枠付きで示した。

図7は、図6の続きである。

図8は、RT-PCR 法により各ヒト臓器における NR10.1 の遺伝子発現分布を解析

- 42 -

した結果を示す写真である。

図9は、RT-PCR法により各ヒト臓器におけるNR10.2の遺伝子発現分布を解析した結果を示す写真である。

図10は、ササンプロッティングにより各ヒト臓器におけるNR10.1の遺伝子発現分布を定量解析した結果を示す写真である。

図11は、ササンプロッティングにより各ヒト臓器におけるNR10.2の遺伝子発現分布を定量解析した結果を示す写真である。

図12は、発現ベクターにおいて構築した発現可能なタンパク質の構造模式図を示す。

図13は、NR10.3完全長cDNAの塩基配列を示した。NR10.3がコードするアミノ酸配列も併記した。また、分泌シグナル配列と予測されるアミノ酸配列に下線を施した。さらに、膜貫通領域と予測されるアミノ酸配列に色塗りを施した。保存されたシステイン残基、及びWSモチーフのアミノ酸配列を枠付きで示した。

図14は、図13の続きである。

発明を実施するための最良の形態

次に、本発明を実施例によりさらに具体的に説明するが、本発明は下記実施例に限定されるものではない。

[実施例1] NR10.1遺伝子およびNR10.2遺伝子の単離

(1) Blast検索

ヘモポエチン受容体ファミリーに保存されているTrp-Ser-Xaa-Trp-Serモチーフ(WSモチーフ)以外にファミリー内で保存されているモチーフが見出されれば、これら双方のモチーフ配列を包括的に含有するオリゴヌクレオチドプローブ配列を設計することが考えられる。そこで、ヘモポエチン受容体ファミリーに保存されているTrp-Ser-Xaa-Trp-Serモチーフ(WSモチーフ)以外の部位において、ファミリー内で保存されているモチーフを検討した。その結果、同ファミリーの細

胞外領域において WS モチーフより 13~27 アミノ酸上流に位置するチロシン残基、あるいはヒスチジン残基が高い確立で保存されていることを見出した。さらに、その Tyr/His 残基から C 末端方向の 6 アミノ酸において、高頻度に出現するコンセンサス配列を検討した結果、(Tyr/His)-Xaa-(Hydrophobic/Ala)-(Gln/Arg)-Hydrophobic-Arg といったアミノ酸配列（以下 YR モチーフと称する）を見出した。しかしながら、この YR モチーフは必ずしも完全なコンセンサス配列と断定できるものではなく、また、このモチーフをコードする塩基配列の組合せは複雑性に富んでいる。従って、現実的なスクリーニングの手段となるハイブリダイゼーションのためのプローブや、あるいは RT-PCR を目的とするプライマーとして、このアミノ酸配列の全てをコード可能なオリゴヌクレオチドを合成、且つスクリーニング実験に供することは困難であると考えられた。

そこで、上記 2 種類のモチーフをプローブとして利用する具体的な新規ヘモポエチン受容体ファミリーメンバーの検索手段を検討した結果、双方のモチーフ配列を共に含むように、既知ヘモポエチン受容体を断片化した部分アミノ酸配列を質問式として用いる、コンピュータ上のデータベース検索が妥当であると判断した。

はじめに、両モチーフの必要条件を満たすアミノ酸配列を模造し、データベース検索に応用可能な質問式配列を調製した。同受容体群においては、この両モチーフ間に通常 7 個~10 数個程度の任意のアミノ酸スペースを挟んでいる。そこで、先ずこのスペース数の平均値をとり 10 アミノ酸に固定した。ここで、標的遺伝子と質問式配列の間で、このスペース配列の長さが異なる場合でも、さらにギャップスペースによって補足されることで、検索上の支障とはならないと判断した。

また、可能な限り質問式配列の未決定アミノ酸数を減少させ、配列の質を高めることで、検索感度の向上を試みた。そこで、既知ヘモポエチン受容体において出現率の高かった配列に基づき、表 1 のように YR モチーフ配列、スペース両端に位置するそれぞれ 2 個のアミノ酸、及び WS モチーフ中央と C 末端のアミノ酸につい

- 44 -

て、各々暫定的に 3 パターンを模造した。

表 1

YR モチーフ	スペーサーアミノ酸	WS モチーフ
YTVQVR	AR XXXXXX GT	WSEWSP
YEARVR	VQ XXXXXX GY	WSDWSE
YSLQLR	CK XXXXXX GI	WSPWSQ

表 1 に記した YR モチーフ、スペース、及び WS モチーフの組合せにより、27通りの質問式配列を作成することが可能である。ここで作成した質問式配列を利用し、GenBank の nr データベースに対して TblastN(Advanced TblastN 2.0.8) プログラムを用いた検索を試みた。検索のパラメータは Expect 値=100、Descriptions 値=100、Alignments 値=100 を用いた。その結果、多数の既知ヘモポエチン受容体が陽性を示したこと、以上の検索方法が正しく作用することを確認した。そこで次に新規ヘモポエチン受容体をコード可能な配列を検出する目的で、同様の質問式配列を利用し EST データベース、及び gss、htgs データベースに対する検索をおこなった。しかしながら、結果は新規性を示す陽性クローンは 1 つも得られなかった。ここで上記 27通りの質問式では、その配列の多様性に制限があることが、最大の原因であると考えられた。従って、質問式配列作成のさらなる多様化も検討したが、その配列の組合せが、あまりにも複雑性に富んでいたため、マニュアルによるこれ以上の配列模造は断念した。これらの理由により、上記検索に用いる質問式配列を便宜的に作成する手段として、YR モチーフと WS モチーフ双方の配列と共に含むように既知ヘモポエチン受容体を断片化した部分アミノ酸配列の作成を検討した。

ここで同受容体群のゲノム構造をファミリー間で比較すると、検討した全ての既知ヘモポエチン受容体において、上記 YR モチーフと WS モチーフは同一のエキ

ソン部分にコードされていた。このことは即ち、両モチーフ配列の連続的並存性が、ゲノム配列上においても成立する可能性の高いことを意味する。従って、EST データベースのみならず、ゲノムデータベースに対する標的遺伝子の検索手段として、既知ヘモポエチン受容体における、この両モチーフ配列をコードするエキソン部分を質問式として用いることで有効に作用することが期待された。また、本実験では既知ヘモポエチン受容体配列としてヒト gp130、及びヒト LIF 受容体を用いた。その理由は同受容体ファミリー群の中でも、比較的これら受容体は構造的に相同性を有しており、この両者に保存された相同性が、新規標的受容体遺伝子でも保存されていることを期待したものである。なお、ヒト gp130、及びヒト LIF 受容体配列は既に公知の配列であるが、本発明者らは敢えて、以前より行なっていた WS モチーフをプローブに用いたブラークハイブリダイゼーション、及び RT-PCR によって、独自に単離した cDNA クローンがコードするアミノ酸配列を利用した。

ここで既知ヘモポエチン受容体のゲノム構造上、これら YR モチーフ、及び WS モチーフをコードするエキソンが、およそ 50 から 70 アミノ酸程度であることから、ヒト gp130、及びヒト LIF 受容体のそれについて、便宜的に YR モチーフの 1 番目のコドンである Tyr 残基を基準として、N 末端側に 29 アミノ酸、C 末端側に 30 アミノ酸の合計 60 アミノ酸を取り質問式配列とした。尚、WS モチーフを 2 箇所繰り返して保有している LIF 受容体については、YR モチーフの保存性を考慮し、2 箇所目（C 末端側）の配列を用いた。以上の配列を質問式とし、tblastN (Advanced TblastN 2.0.8) プログラムを用いた検索を、GenBank の gss (Genomic Survey Sequence)、及び htgs データベースに対しておこなった。検索のパラメータは「Expect 値=50、Descriptions 値=100、Alignments 値=100」を用いた。

選択した 60 アミノ酸は、厳密には実際のエキソン配列の長さと若干異なる。しかしながら、このエクソンの長さは既知ヘモポエチン受容体遺伝子毎においても若干異なることと、上記の YR モチーフ、及び WS モチーフの保存度を指標とし

て重視することによって、検索を行う上での支障とはならないと判断した。また、検索対象として GenBank の gss、及び htgs データベースを選択した理由は、これらのゲノム配列はその複雑性から完全に解析がなされていないのが現状であるため、未知の受容体遺伝子の発掘を目的とする材料として、適宜であると判断したことによる。本実験での検索パラメータで「Expect 値=50、Descriptions 値=100、Alignments 値=100」とした理由は、前記 27 通りの模造配列を質問式とした場合よりも質問式配列が長鎖であるため、検索感度を下げて疑陽性クローニングの増加誘因を回避したことによる。このことが、標的としたモチーフ配列以外の部分での、相同性を示すような疑陽性クローニングの検出抑制に作用し、標的遺伝子の検出を可能にすると考えられる。

検索の結果、多数の疑陽性クローニングがヒットしたが、ここで上記 YR モチーフと WS モチーフが同一の読み枠にコードされていないもの、あるいは双方のモチーフ配列間に終止コドンのあるものは排除した。また、YR モチーフを保有していても、WS モチーフを保存していないクローニングも検索対象から除外した。それは、前述のように YR モチーフは完全に確立できたコンセンサス配列ではないため、WS モチーフの保存度の優位性を重要視したものである。以上の選別により唯一、1 クローニングの新規ヘモポエチン受容体遺伝子の一部をコードし得ると推測されるヒトゲノム配列(Gen Bank Accession#AQ022781)を同定し、この遺伝子を NR10 と命名した。

AQ022781 は gss データベースに登録されている 459 bp の BAC クローニング末端配列であり、ヒト gp130、LIF 受容体、何れの部分アミノ酸配列を質問式とした場合においても陽性を示した唯一のクローニングであった。その得られた塩基配列は途中 2 箇所に n を含むことと、Genomic Survey Sequence そのものの登録特質上、信頼度の高い配列ではない危険性は充分に推測された。しかしながら、図 1 に示すように 175 番目～218 番目の c/t 高含有配列に続く ag 配列より、スプライスコンセンサスが認められ、その後に続く atg からの配列がエキソン部位であることが

- 47 -

予測可能であった。次に、この予測したエキソン配列を質問式として、GenBank の nr データベースに対する BlastX(Advanced BlastX 2.0.8)検索をおこなった結果、図 2 に示すように複数の既知ヘモポエチン受容体遺伝子との相同性を検出した。AQ022781 は YR モチーフとして[YVIALR]配列を有し、WS モチーフとして[WSD WS]配列を完全に保存していたことや、複数の既知同受容体との相同性を示したこと、さらに WS モチーフ内の Ser 残基をコードする塩基コドンが、2箇所とも AG(C/T) であったことなどから、新規ヘモポエチン受容体遺伝子をコードし得ると予測した。既知同受容体群の WS モチーフ内における Ser 残基の塩基コドンは、EP0 受容体、TP0 受容体、マウス IL-6 受容体においてのみ、2番目の Ser 残基が TCN のコドンによってコードされているが、それ以外の殆どの場合 AG(C/T) である。実際、偶然に WS モチーフ様配列を有していた疑陽性クローニングの場合、TCN コドンの Ser 残基であることが多く、AG(C/T)コドンの Ser 残基は陽性クローニング選別における 1 つの指標ともなった。そこで、AQ022781 内の予測したエキソン配列上に、特異的なオリゴヌクレオチドプライマーを設計し、これらプライマーを後述の 5'-R ASE 法、及び 3'-RACE 法に提供した。

(2) オリゴヌクレオチドプライマーの設計

(1) に示したように、AQ022781 配列内にエキソン部位を予測し、その予測した配列をもとに、下記配列に示す NR10 特異的なオリゴヌクレオチドプライマーをデザインした。プライマーは、センス側（下流方向）に NR10-S1、NR10-S2、及び NR10-S3 の 3 本を、またアンチセンス側（上流方向）に NR10-A1、NR10-A2、及び NR10-A3 の 3 本をそれぞれ合成した。プライマーの合成には、ABI 社の 394 DNA/RNA Synthesizer を使用し、5'-末端トリチル基付加条件にて実施した。その後、0 PC column(ABI#400771)にて、完全長の合成産物を精製した。

NR10-S1; 5'-ATG GAA GTC AAC TTC GCT AAG AAC CGT AAG-3' (配列番号 : 5)

NR10-S2; 5'-CCA AAC GTA CAA CCT CAC GGG GCT GCA ACC-3' (配列番号 : 6)

NR10-S3; 5'-GTC ATA GCT CTG CGA TGT GCG GTC AAG GAG-3' (配列番号 : 7)

- 48 -

NR10-A1; 5'-agt agc ttg cgT TCT TCC TCA GCT ATT CCC-3' (配列番号: 8)

NR10-A2; 5'-CTT TGA CTC CTT GAC CGC ACA TCG CAG AGC-3' (配列番号: 9)

NR10-A3; 5'-GGT TGC AGC CCC GTG AGG TTG TAC GTT TGG-3' (配列番号: 10)

これらプライマー配列を設計するにあたって、図1に示したAQ022781配列の376番目の塩基nについては仮にcと想定し、その部位に対応するNR10-A1プライマー配列の11番目の塩基をgに置換した。また、AQ022781配列内におけるスプライシングコンセンサス配列の検討より予測可能であった、最小エキソン部位は211番目の塩基aから399番目の塩基cまでであり、次のgt配列からイントロンであると推測された。ところが、後述の3'-RACE産物の解析結果より、376番目の塩基n、或いは377番目の塩基gからイントロンに突入することが判明した。

従って、結果的に上記NR10-A1プライマー配列中、小文字で記した部分のmRNA転写は起こらないため、この11塩基はPCR反応の際に正しく結合できない。しかし、残る19塩基の3'-末端配列が特異的に結合可能であったため、PCR反応が正しく作用したものと考えられる。

(3) 3'-RACE法によるC末端cDNAのクローニング

NR10の全長cDNAを単離するために、(2)に記載のNR10-S1プライマーを一次PCRに用い、また、NR10-S2プライマーを二次PCRに用いて3'-RACE PCRを試みた。鑄型としてHuman Fetal Liver Marathon-Ready cDNA Library(Clontech#7403-1)を用い、PCR実験にはAdvantage cDNA Polymerase Mix(Clontech#8417-1)を使用した。Perkin Elmer Gene Amp PCR System 2400サーマルサイクラーを使用し、下記のPCR条件で実施した結果、選択的スプライシングによる2種類のサイズを示すPCR産物が得られた。

一次PCRの条件は、94°Cで4分、「94°Cで20秒、72°Cで100秒」を5サイクル、「94°Cで20秒、70°Cで100秒」を5サイクル、「94°Cで20秒、68°Cで100秒」を28サイクル、72°Cで3分、および4°Cにて終結である。

二次PCRの条件は、94°Cで4分、「94°Cで20秒、70°Cで100秒」を5サイクル、

「94°Cで 20 秒、68°Cで 100 秒」を 25 サイクル、72°Cで 3 分、および 4°Cにて終結である。

得られた 2 種類の PCR 産物は双方とも、pGEM-T Easy vector(Promega #A1360)にサブクローニングし、塩基配列を決定した。PCR 産物の pGEM-T Easy vector への組換えは、T4 DNA Ligase(Promega#A1360)によって、4°C/12 時間の反応をおこなった。PCR 産物と pGEM-T Easy vector の遺伝子組換え体は、大腸菌株 DH5 α (Toyobo#DNA-903)を形質転換することによって得られた。また、遺伝子組換え体の選別には、Insert Check Ready Blue(Toyobo#PIK-201)を用いた。さらに、塩基配列の決定には、BigDye Terminator Cycle Sequencing SF Ready Reaction Kit(ABI/Perkin-Elmer#4303150)を使用し、ABI PRISM 377 DNA Sequencer によって解析をおこなった。独立する 6 クローンの遺伝子組換え体に対し、全インサート断片の塩基配列を決定した結果、塩基対の長さ、及び配列の相違により、それぞれ 3 クローンずつの二種類のグループに区別することができた。これは、選択的スプライシングに起因する産物の相違であり、この得られた配列が、双方共に NR10 の部分塩基配列である事を認めた。ここで、膜貫通領域を含む長い ORF をコードし得る cDNA クローンを NR10.1 と命名し、膜貫通領域を保有しない短い ORF をコードする cDNA クローンを NR10.2 と命名することで区別した。

(4) 5'-RACE 法による N 末端 cDNA のクローニング

NR10 の全長 cDNA を単離するために、実施例 2 の NR10-A1 プライマーを一次 PCR に用い、また、NR10-A2 プライマーを二次 PCR に用いて 5'-RACE PCR を試みた。3'-RACE 法同様に鑄型として Human Fetal Liver Marathon-Ready cDNA Library を用い、PCR 実験には Advantage cDNA Polymerase Mix を使用した。Perkin Elmer Gene Amp PCR System 2400 サーマルサイクラーを使用し、(3) と同様の PCR 条件で実施した結果、3 種類のサイズの異なる PCR 産物が得られた。得られた 3 種類の PCR 産物は全て、前述同様、pGEM-T Easy vector にサブクローニングし、塩基配列を決定した。PCR 産物の pGEM-T Easy vector への組換えは、T4 DNA Lig

- 50 -

ase によって、4°C/12 時間の反応をおこなった。PCR 産物と pGEM-T Easy vector の遺伝子組換え体は、大腸菌株 DH5 α を形質転換することによって得られた。また、遺伝子組換え体の選別も前述と同様に、Insert Check Ready Blue を用いた。塩基配列の決定においても、BigDye Terminator Cycle Sequencing SF Ready Reaction Kit を使用し、ABI PRISM 377 DNA Sequencer によって解析を実施した。その結果、得られたサイズの異なる 3 種類の 5'-RACE 産物は全て、同一の mRNA 転写産物に由来することが判明した。ここで、3 種類の産物が異なるサイズを示した理由は、5'-RACE の伸長反応が不完全であったことに起因するためであり、スプライス変異体に由來した産物である可能性は否定された。しかし、これら 3 種類の 5'-RACE 産物のうち、最も長い伸長産物を示した cDNA クローンであっても、完全長の 5'-末端には伸長が及んでいなかった。また、(2) の NR10-A2 プライマーを一次 PCR に用い、NR10-A3 プライマーを二次 PCR に用いた 5'-RACE PCR を試みた場合でも同様の結果しか得られなかった。そこで、さらなる 5'-RACE 伸長反応をおこなうために、得られた塩基配列の N 末端近傍に、新たなオリゴヌクレオチドプライマーを設計した。プライマーの合成は、実施例 2 に従い、アンチセンス側（上流方向）に下記配列の NR10-A4、及び NR10-A5 オリゴヌクレオチドプライマーを準備した。

NR10-A4; 5'-ATC AGA TGA AAC AGG CGC CAA CTC AGG-3' (配列番号: 11)

NR10-A5; 5'-TGG TTT CAC ACG GAA AAT CTT AGG TGG-3' (配列番号: 12)

上記同様に Human Fetal Liver Marathon-Ready cDNA Library を鋳型として、NR10-A4 プライマーを一次 PCR に用い、NR10-A5 プライマーを二次 PCR に用いた 5'-RACE PCR を実施した。PCR 条件、サブクローニング方法、及び塩基配列の決定方法は (3) に従った。しかしながら、塩基配列を決定した結果、上記の NR10-A1 プライマー、NR10-A2 プライマー、及び NR10-A3 プライマーを用いておこなった 5'-RACE PCR と全く同じ配列で伸長反応が終結している、不完全伸長産物しか得られなかった。この原因として、NR10 mRNA がこの部分で立体高次構造をとるため

に、一次鎖 cDNA 合成を阻害している可能性や、或いはこれより上流領域の塩基配列における g/c 含有率が高いために PCR 反応を阻害している可能性が考えられた。何れにせよ、cDNA ライブラリー調製時における、ライブラリーそれ自体の品質に問題がある場合も充分考えられるため、次項に記すように鋳型を Human Placenta Marathon-Ready cDNA Library(Clontech#7411-1)に変更して用いることとした。ここでヒト Placenta 由来の材料を選択した理由は後述の、RT-PCR 法による NR10 遺伝子の臓器発現分布解析の結果を参考にしたものである。

(5) 5'-RACE 法の継続的伸長による N 末端 cDNA のクローニング

完全長 NR10 に相当する cDNA クローンの N 末端配列を単離するために、(4)の NR10-A4 プライマーを一次 PCR に用い、また、NR10-A5 プライマーを二次 PCR に用いて 5'-RACE PCR を試みた。前項の理由により、鋳型として Human Placenta Marathon-Ready cDNA Library を用いた。PCR 実験には Advantage cDNA Polymerase Mix を使用した。Perkin Elmer Gene Amp PCR System 2400 サーマルサイクラーを使用し、下記の PCR 条件で 5'-RACE PCR 反応を実施した結果、単一なサイズの PCR 産物が得られた。

一次 PCR の条件は、94°Cで 4 分、「94°Cで 20 秒、72°Cで 2 分」を 5 サイクル、「94°Cで 20 秒、70°Cで 2 分」を 5 サイクル、「94°Cで 20 秒、68°Cで 90 秒」を 28 サイクル、72°Cで 3 分、および 4°Cにて終結である。

二次 PCR の条件は、94°Cで 4 分、「94°Cで 20 秒、70°Cで 90 秒」を 5 サイクル、「94°Cで 20 秒、68°Cで 90 秒」を 25 サイクル、72°Cで 3 分、および 4°Cで終結である。

得られた PCR 産物は実施例 3 に従い、pGEM-T Easy vector にサブクローニングし、塩基配列を決定した。独立する 4 クローンの遺伝子組換え体に対し、全インサート断片の塩基配列の決定をおこなった結果、完全長 NR10 cDNA クローンの N 末端配列を含んでいることを認めた。この 5' RACE-PCR の結果、決定できた塩基配列と、(3)において決定した 3' RACE-PCR 産物の塩基配列とを総合することによ

って、最終的に完全長 NR10.1、及び完全長 NR10.2 cDNA の全塩基配列を決定した。決定した NR10.1 cDNA の塩基配列（配列番号：1）、及びそれがコードするアミノ酸配列（配列番号：2）を図3～5に示す。また、決定した NR10.2 cDNA の塩基配列（配列番号：3）と、それがコードするアミノ酸配列（配列番号：4）を図6～7に示す。

NR10 cDNA 全塩基配列を決定した結果、図1で示した AQ022781 内の 281 番目の塩基 n については、正しくは t であることが明らかとなった。しかし、376 番目の塩基 n については、丁度この配列付近からインtron に突入するため、配列の決定には至らなかった。ところが、この 376 番目の塩基 n を何れの塩基に置換しても、この位置にスプライシングコンセンサス配列(ag/gtaag 等)を認めることができない。これは、gss データベースの情報性質上、問題とした AQ022781 配列の 376 番目の塩基 n 周辺配列[an/gcaag]が、実際には[ag/gtaag]であると推測される。NR10.1、及び NR10.2 の全塩基配列を決定した結果、両者はこの問題となつた不明瞭なスプライシングサイトから、選択的スプライシングによって、それぞれ全く独立したエキソンに接続し、以降の C 末端は異なるアミノ酸配列をコードしていた。一次構造上 NR10.1 は 652 アミノ酸からなる細胞膜貫通型ヘモポエチン受容体蛋白をコードすることが可能であり、また、NR10.2においては 252 アミノ酸からなる可溶性分泌型受容体様蛋白をコード可能であった。それら NR10 の特徴として以下の構造が認められる。

先ず NR10.1、及び NR10.2 の共通した細胞外領域において、アミノ酸番号 1 位の Met から 32 位の Ala までが典型的な分泌シグナル配列であると予測される。ここで、1 位の Met よりマイナス 2 位の位置に、インフレームの終止コドンが存在するため、この Met 残基が翻訳開始部位であると推定される。次に 43 位の Cys から 53 位の Cys、及び 55 位の Trp 残基までが、典型的なリガンド結合部位配列であり、さらに 81 位と 94 位の Cys 残基は他のヘモポエチン受容体メンバーにもよく保存された Cys 残基の繰り返し構造を示す。続いて 137 位と 138 位に連続す

- 53 -

る Pro 残基と、157 位の Trp 残基までによって、Pro-rich 領域 (PP-W モチーフ) が保存されており、210 位の Tyr から 215 位の Arg 残基までが前記 YR モチーフに相当する。さらに、224 位の Trp から 228 位の Ser 残基までに典型的な WSXWS-bo x (WS モチーフ) が認められる。

ここで、NR10.2においては WSXWS 配列の後、24 アミノ酸をコードし、次の終止コドンによって翻訳フレームが終結する。これによって、細胞膜貫通ドメインを保持しない、可溶性ヘモポエチン受容体様蛋白をコードしている。一方 NR10.1においては、上記の各保存モチーフに続き、533 位の Ile から 556 位の Leu 残基までの 24 アミノ酸に典型的な細胞膜貫通ドメインを保有している。さらに、その直後の細胞内領域における、571 位、及び 573 位の Pro 残基は、他のヘモポエチン受容体メンバーにもよく保存された Box-1 コンセンサス配列 (PXP モチーフ) であり、ここがシグナル伝達に深く関与すると考えられる。以上のような構造的特徴を保有していることから、NR10 遺伝子は新規ヘモポエチン受容体蛋白をコードしているものと断定される。

[実施例 2] RT-PCR 法による NR10 遺伝子発現組織の検索と発現様態の解析

各ヒト臓器における NR10.1、及び NR10.2 遺伝子の発現分布、及び、遺伝子発現様態を解析するために、RT-PCR 法による mRNA の検出を行った。RT-PCR 解析に用いるためのプライマーとして、下記配列のオリゴヌクレオチドプライマーを新たに合成した。センス側（下流方向）プライマーとして NR10-S0 プライマーを用い、アンチセンス側（上流方向）プライマーとして NR10.1-A0、及び NR10.2-A0 プライマーを用いた。プライマーの合成、及び精製は実施例 2 に従った。下記プライマーのうち NR10-S0 は、NR10.1 と NR10.2 の共通配列上に設計し、また、NR10.1-A0 は NR10.1 特異的配列上に、一方 NR10.2-A0 は NR10.2 特異的配列をもとに設計している。

hNR10-S0; 5'-GCA TTC AGG ACA GTC AAC AGT ACC AGC-3' (配列番号 : 13)

hNR10.1-A0; 5'-AGC TGG AAT CCT CAG GGT GGC CAC TGG-3' (配列番号 : 14)

hNR10.2-A0; 5'-GCC CAT CAC CAG AGT AGA CAG GAC GGG-3' (配列番号: 15)

鋳型として、Human Multiple Tissue cDNA (MTC) Panel I(Clontech #K1420-1)、Human MTC Panel II(Clontech#K1421-1)、Human Immune System MTC Panel(Clontech#K1426-1)、及び Human Fetal MTC Panel(Clontech#K1425-1)を用いた。PCRには Advantage cDNA Polymerase Mix(Clontech#8417-1)を用い、Perkin Elmer Gene Amp PCR System 2400 サーマルサイクラーを使用した。NR10.1 の検出のために[NR10-S0 対 NR10.1-A0]を、また NR10.2 の検出のために[NR10-S0 対 NR10.2-A0]プライマーセットをそれぞれ用いた。PCR 反応は、94°Cで 4 分、「94°Cで 20 秒、72°Cで 1 分」を 5 サイクル、「94°Cで 20 秒、70°Cで 1 分」を 5 サイクル、「94°Cで 20 秒、68°Cで 1 分」を 25 サイクル、72°Cで 3 分、および 4°Cにて終結、のサイクル条件にて実施することで、標的遺伝子の増幅を試みた。

この結果 NR10.2 については図 9 に示す通り、解析をおこなった全てのヒト臓器、及び組織由来の mRNA において殆ど一定量の構成的な遺伝子発現が検出された。これに対し図 8 に示すように NR10.1 の場合、遺伝子発現が検出された臓器、及び組織は制限されており、その発現量には大きな偏差が認められた。また解析に使用した全ての鋳型に対して、ヒト G3PDH プライマーを用い上記 PCR 条件にてハウスキーピング遺伝子 G3PDH の発現を検出することで、予め鋳型 mRNA のコピー数がサンプル間で標準化 (Normalize) されていることを確認している。以下、NR10.1 の遺伝子発現が検出された臓器を列挙すると、ヒト成体では、心臓、胎盤、精巣、胸腺、末梢白血球において強い発現を示し、さらに脾臓、骨髄、前立腺、卵巣、胰臓、肺において弱い発現が検出された。また、ヒト胎児においては、骨格筋、胸腺、心臓、腎臓で強い発現が認められ、さらに肺、肝臓、脾臓で弱い発現が検出された。その一方、ヒト成体において、脳、骨格筋、腎臓、小腸、直腸では全く発現が認めらず、また、ヒト胎児脳においても、全く発現は認められなかった。

ここで、検出された RT-PCR 増幅産物のサイズは、NR10.1 の場合 480 bp、また NR10.2 においては 243 bp であり、これは決定したそれぞれの塩基配列から計算

されるサイズと一致する。従って、これらは、それぞれ特異的な PCR 増幅反応による産物であると考えられた。このことを更に次項のサザンブロッティング法によって確認することで、それらが非特異的な PCR 増幅による産物である可能性を否定した。

NR10.1 の遺伝子発現分布を総合すると、主に免疫担当細胞、及び造血細胞を含むと考えられる臓器に強く検出されたことより、NR10 が新規ヘモボエチン受容体として機能し得る可能性が、さらに強く示唆された。また生殖器系細胞、或いは内分泌系細胞や心臓においても発現分布が認められたことは、NR10 が免疫系及び造血系のみならず、多岐にわたる生体内の生理機能を調節し得る可能性をも示唆している。

NR10.2 の遺伝子発現が全ての臓器で検出されたことは、解析対象とした臓器を構成する全ての細胞において、活性を有する分泌型蛋白が產生される可能性を示唆している。ただ、ある組織間や特定の細胞群において、その機能特異性を決定するための転写調節、及び選択的なスプライシング調節がお行なわれることによつて、NR10 の遺伝子発現が厳密な転写制御を受けている可能性が非常に高い。

[実施例 3] サザンブロッティング法による RT-PCR 産物の特異性の確認

実施例 2 における RT-PCR によって増幅された標的遺伝子産物は、NR10.1 及び NR10.2 それに特異的な cDNA 断片をプローブとして用いたサザンブロッティング法を実施することで、それが特異的な増幅であることを確認した。また、それと同時に、RT-PCR 産物を定量的に検出することで、ヒト各臓器間における遺伝子発現の比較測定的評価を試みた。前項の RT-PCR 産物をアガロースゲル電気泳動後、Hybond N(+) (Amersham, cat#RPN303B) 付電荷ナイロン膜にブロッティングし、ハイブリダイゼーションに供した。NR10.1 及び NR10.2 それに特異的なプローブとして、実施例 3 にて得られた、それぞれの cDNA 断片を用いた。プローブの調製は、Mega Prime Kit(Amersham, cat#RPN1607) を使用し [α -32P]dCTP(Amersham, cat#AA0005) によってラジオアイソトープ標識した。ハイブリダイゼーションには

- 56 -

Express Hyb-ridization Solution (Clontech#8015-2)を用い、68°C/30分のプレハイブリダイゼーションの後、熱変性させた標識プローブを加え、68°C/120分のハイブリダイゼーションを実施した。(1) 1x SSC / 0.1% SDS, 室温で5分、(2) 1x SSC / 0.1% SDS, 50°Cで30分、(3) 0.1x SSC / 0.1% SDS, 50°Cで30分の条件にて洗浄をおこなった後、Imaging Plate(FUJI#BAS-III)に露光させ、Image Analyzer(FUJIX, BAS-2000 II)によって、NR10特異的なシグナルを検出した。

NR10.1の検出結果を図10に、またNR10.2の検出結果を図11に示す通り、前項のRT-PCRによって增幅されたPCR産物は、全てNR10.1及びNR10.2それぞれに特異的な増幅産物であることが確認された。また各臓器における発現量の比較定量についても、前項の評価を支持するものであった。一方、RT-PCR法とサザンブロッティング法を組合せた、ここでの標的遺伝子発現の検出方法は、他の発現解析方法と比較しても極めて感度の高い検出手段であるにも関わらず、成人脳や胎児脳といった神経系、及び成人消化管ではNR10.1の発現が全く検出されなかった。さらに、胎児で強い発現が認められた骨格筋と腎臓においても、成人では全く検出されていない。

[実施例4] ノーザンブロッティング法によるNR10遺伝子発現解析
各ヒト臓器、及びヒト癌細胞株におけるNR10の遺伝子発現様態の解析と、NR10転写サイズの同定を目的として、ノーザンブロッティング法によるNR10遺伝子の発現解析を試みた。また、NR10.1及びNR10.2以外のさらなるスプライシング変異体の存在する可能性についても検討をおこなった。プロットにはHuman Multiple Tissue Northern(MTN) Blot(Clontech #7760-1)、Human MTN Blot II(Clontech #7759-1)、Human MTN Blot III(Clontech#7767-1)、及びHuman Cancer Cell Line MTN Blot(Clontech#7757-1)を使用した。

プローブには実施例1(5)にて得られた、5'-RACE産物のcDNA断片を用いた。プローブの調製は実施例3同様、Mega Prime Kitを用い[α -³²P]dCTPによってラジオアイソトープ標識した。ハイブリダイゼーションにはExpress Hyb-ridizati

- 57 -

on Solution を用い、65°C/30 分のプレハイブリダイゼーションの後、熱変性させた標識プローブを加え、65°C/16 時間のハイブリダイゼーションを実施した。(1) 1x SSC / 0.1% SDS, 室温で 5 分、(2) 1x SSC / 0.1% SDS, 48°C で 30 分、(3) 0.5x SSC / 0.1% SDS, 48°C で 30 分の条件にて洗浄をおこなった後、前項同様に Imaging Plate に対して露光させ、Image Analyzer を使用することで、NR10 特異的なシグナルを検出を試みた。

しかしながらその結果、何れのヒト臓器においてもシグナルは検出されなかつた。原因として、ノーザン解析法の場合、RT-PCR レベルと比較して検出感度がかなり低いため、発現量の低い mRNA を検出することができなかつたものと考えられる。

[実施例 5] プラークスクリーニング

上記の NR10 遺伝子の完全長 cDNA 獲得の過程は、PCR クローニングによる手法が用いられた。これら PCR クローニングをおこなった場合、その産物配列中にしばしば点変異が発生する危険を含んでいる。そこで、前述までに得られた cDNA クローンについて、その塩基配列を再確認する目的で、ラムダファージ cDNA ライブライリーに対するプラークハイブリダイゼーションをおこない、標的遺伝子の再単離を試みた。RT-PCR による NR10 遺伝子発現解析の結果、NR10 遺伝子発現が認められた、ヒト胎盤 cDNA ライブライリー(Clontech#HL1144X)を用い、プラークスクリーニングを行った。プローブには前項同様、実施例 1 (5) にて得られた、5'-RACE 産物の cDNA 断片を用いた。プローブの調製は実施例 3 同様、Mega Prime K it を用い [α -³²P]dCTP によってラジオアイソトープ標識した。ハイブリダイゼーションには Express Hyb-ridization Solution を用い、65°C/30 分のプレハイブリダイゼーションの後、熱変性させた標識プローブを加え、65°C/16 時間のハイブリダイゼーションを実施した。(1) 1x SSC / 0.1% SDS, 室温で 5 分、(2) 1x SSC / 0.1% SDS, 58°C で 30 分、(3) 0.5x SSC / 0.1% SDS, 58°C で 30 分の条件にて洗浄をおこなった後、X 線フィルム(Kodak, cat#165-1512)に露光し、NR10 陽性

プラークを検出した。

その結果、陽性クローンは 1 つも得らなかった。これも実施例 4 と同様、標的遺伝子の発現コピー数が少ないため、cDNA クローンの単離に至らなかったものと考えられる。標的遺伝子の単離には、RT-PCR 解析の結果、最も遺伝子発現量の高かった臓器である、ヒト胎児骨格筋由来のラムダファージ cDNA ライブライリーに対するプラークハイブリダイゼーションが好ましいと考えられる。

[実施例 6] リガンドスクリーニング

(1) NR10 キメラ受容体の構築

NR10 に特異的に結合し得るリガンド、即ち新規ヘモポエチンを検索するためのスクリーニング系を構築する。先ず最初に NR10.1 の細胞外領域（1 位の Met から 238 位の Glu まで、あるいは 1 位の Met から 532 位の Glu まで）をコードする cDNA 配列を PCR によって増幅し、この DNA 断片を既知のヘモポエチン受容体の細胞膜貫通領域、及び細胞内領域をコードする DNA 断片とインフレームで結合させることによって、キメラ受容体をコードする融合配列を作製する。ここで、パートナーとなる既知ヘモポエチン受容体として、前述のようにいくつかの候補が挙げられるが、その中からヒト TPO 受容体(Human MPL-P)を選択して用いる。すなわち、ヒト TPO 受容体の細胞膜貫通領域を含む細胞内領域をコードする DNA 配列を PCR によって増幅した後、NR10.1 の細胞外領域をコードする cDNA 配列とインフレームで結合させ、哺乳動物細胞で発現可能なプラスミドベクター(pEF-BOS)に挿入する。構築した発現ベクターは pEF-NR10/TPO-R と称する。構築される NR10/TPO-R キメラ受容体の構造の模式図を図 12 に示す。NR10/TPO-R キメラ受容体発現ベクターはブラストサイジン S 耐性遺伝子を含む発現ベクター pSV2bsr(科研製薬株式会社製)と共に増殖因子依存性細胞株 Ba/F3 に導入して強制発現させた後、8 μg/ml の塩酸ブラストサイジン S (科研製薬株式会社製)と IL3 の共存下で培養することにより遺伝子導入細胞を選別する。得られたキメラ受容体導入細胞を IL-3 非存在下に切り替え、標的リガンドを含むことが期待される材料を添加して培

養することにより、NR10 と特異的に結合するリガンドが存在する場合にのみ生存／増殖可能であることを利用したスクリーニングが実施可能である。

(2) NR10/IgG1-Fc 可溶性融合タンパク質の調製

細胞膜結合型リガンドの探索、あるいは BIACore (Pharmacia 社) やウエストウエスタン法による可溶性リガンドの検出に利用すべく NR10/IgG1-Fc 可溶性融合タンパク質の調製を行う。実施例 6 (1) で調製した NR10.1 の細胞外領域 (1 位の Met から 238 位の Glu まで、あるいは 1 位の Met から 532 位の Glu まで) をコードする DNA 断片をヒト免疫グロブリン IgG1 の Fc 領域をコードする DNA 断片とインフレームで結合させることによって、該可溶性融合タンパク質をコードする融合配列を作製する。構築した NR10/IgG1-Fc がコードする可溶性融合タンパク質の構造の模式図を図 12 に示す)。該融合遺伝子断片を哺乳動物細胞で発現可能なプラスミドベクター (pEF-BOS) に挿入し、構築した発現ベクターを pEF-NR10/IgG1-Fc と名付ける。この pEF-NR10/IgG1-Fc を哺乳動物細胞に強制発現させ、安定した遺伝子導入細胞を選択した後、その培養上清に分泌される当該リコンビナントタンパク質を、抗ヒト IgG1-Fc 抗体を用いた免疫沈降、あるいはアフィニティカラム等により精製することが可能である。

(3) NR10.2 の発現系構築とリコンビナント NR10.2 タンパク質の精製

細胞膜結合型リガンドの探索、あるいは BIACore (Pharmacia 社) やウエストウエスタン法による可溶性リガンドの検出に利用すべくリコンビナント NR10.2 タンパク質の調製を行う。NR10.2 cDNA のアミノ酸コーディング配列を用い、終止コドンを点変異によって任意のアミノ酸残基をコードする塩基配列に置換した後、インフレームで FLAG ペプチドをコードする塩基配列に結合させる。その結合断片を哺乳動物細胞で発現可能なプラスミドベクターに挿入し、構築した発現ベクターを pEF-BOS/NR10.2 FLAG と名付ける。構築した発現ベクター中の挿入断片 NR10.2 FLAG の構造の模式図を図 12 に示す。この pEF-BOS/NR10.2 FLAG を哺乳動物細胞に強制発現させ、安定した遺伝子導入細胞を選択した後、その培養上清に分泌

- 60 -

される当該リコンビナントタンパク質を、抗 FLAG ベプチド抗体を用いて免疫沈降を行うことが可能であり、あるいはアフィニティーカラム等により精製することが可能である。

[実施例 7] NR10.3 遺伝子の単離

(1) オリゴヌクレオチドプライマーの設計

連続する完全長コーディング配列を含む NR10.1 遺伝子の再単離を試みた。まず最初に、NR10.1 cDNA の塩基配列内の 5'-UTR 及び 3'-UTR 部位を選択し、下記配列のセンスプライマー（下流方向）、及びアンチセンスプライマー（上流方向）を設計した。プライマーの合成は、実施例 1 (2) に従った。即ち、ABI 社の 394 DNA/RNA Synthesizer を使用し、5'-末端トリチル基付加条件にて実施し、その後、OPC column(ABI#400771)にて、完全長の合成産物を精製した。

NR10-5UTR(SN); 5'-CCC CTG ATA CAT GAA GCT CTC TCC CCA GCC-3' (配列番号 : 18)

NR10-3UTR(AS); 5'-CCA GTC TTC GGA GAT GGT TCT CTT GGG GCC-3' (配列番号 : 19)

(2) PCR クローニング

NR10 の完全長 CDS を単離するために、実施例 7 (1) の NR10-5UTR プライマーをセンスプライマーに用い、また、NR10-3UTR primer をアンチセンスプライマーとして用いた PCR クローニングを試みた。鑄型として Human Placenta Marathon-Ready cDNA Library(Clontech#7411-1)を使用し、PCR 実験には Advantage cDNA Polymerase Mix(Clontech#8417-1)を用いた。Perkin Elmer Gene Amp PCR System 2400 サーマルサイクラーを使用し、94°Cで 4 分、「94°Cで 20 秒、72°Cで 90 秒」を 5 サイクル、「94°Cで 20 秒、70°Cで 90 秒」を 5 サイクル、「94°Cで 20 秒、68°Cで 90 秒」を 28 サイクル、72°Cで 3 分、および 4°Cにて終結、のサイクル条件にて PCR を実施した。その結果、2119 bp の増幅産物が得られた。

得られた PCR 産物は実施例 1 (3) に従い、pGEM-T Easy vector(Promega #A1

- 61 -

360)にサブクローニングし、塩基配列を決定した。PCR 産物の pGEM-T Easy vector への組換えは、T4 DNA Ligase(Promega#A1360)によって、4°C/12 時間の反応をおこなった。PCR 産物と pGEM-T Easy vector の遺伝子組換え体は、大腸菌株 DH5 alpha(Toyobo#DNA-903)を形質転換することによって得られた。また、遺伝子組換え体の選別には、Insert Check Ready Blue(Toyobo#PIK-201)を用いた。さらに、塩基配列の決定には、BigDye Terminator Cycle Sequencing SF Ready Reaction Kit(ABI/Perkin Elmer#4303150)を使用し、ABI PRISM 377 DNA Sequencer によって解析を行なった。独立する 5 クローンの遺伝子組換え体に対し、全インサート断片の塩基配列を解析した結果、膜貫通領域を含む NR10 の完全長 CDS をコードし得る cDNA クローンの塩基配列を決定した。しかしながら、決定した配列に NR10.1 は認められず、代替的に 662 アミノ酸からなる細胞膜貫通型受容体蛋白をコード可能な cDNA クローンを示した。本発明者等は、この cDNA クローンを NR10.3 と命名することで、NR10.1 cDNA クローンと区別した。

この cDNA クローンが導入された大腸菌株は、工業技術院生命工学工業技術研究所に寄託した。

(イ) 寄託機関の名称・あて名

名称：通商産業省工業技術院生命工学工業技術研究所

あて名：日本国茨城県つくば市東1丁目1番3号（郵便番号305-8566）

(ロ) 寄託日（原寄託日）：平成11年7月23日

(ハ) 寄託番号 生命研条寄第 6793 号 (FERM BP-6793)

NR10.1 に対して NR10.3 cDNA クローンは、終止コドン近傍に存在するアデニン基クラスターにおける、僅か 1 塩基の欠損が認められ、これによってフレームシフトが発生する。NR10.1 と NR10.3 は、そのフレームシフトによって終止コドン近傍のアミノ酸配列の読み替に相違性を示す。決定した NR10.3 の塩基配列及びそれがコードするアミノ酸配列を配列番号：16 および 17、並びに図 13 および

14に示した。

(3) NR10.1とNR10.3の存在意義

前記の通り、NR10.1とNR10.3は終止コドン近傍における1塩基の相違によって生じた配列を示すものであり、従ってスプライシング変異体による転写産物の相違ではない。また、その1塩基の欠損以外においては、NR10.1とNR10.3 cDNA クローンの相違は認められず、それらがコードする造血因子受容体蛋白は、機能的に同等であると推測される。このような点欠損、点変異といったものが何らかの疾患に関与している可能性や、或いは家系的、または人種依存的に配列の多様性を生じている可能性もあると考え得る。

[実施例8] NR10の染色体上の局在

(1) オリゴヌクレオチドプライマーの設計

NR10の染色体地図作成のため、下記配列のオリゴヌクレオチドプライマー、NR10-イントロンを合成した。NR10-イントロンプライマーはgasデータベースに登録されているAQ022781の配列中、NR10 mRNAには転写されないイントロン部位を選択し、センス方向(下流方向)に設計した。プライマーの合成は、実施例1(2)に従った。即ち、ABI社の394 DNA/RNA Synthesizerを使用し、5'-末端トリチル基付加条件にて実施し、その後、OPC column(ABI#400771)にて、完全長の合成産物を精製した。

NR10-イントロン(SN); 5'-CTG TGT AAG TAC CAA TTG TTC CCA GGC-3' (配列番号: 20)

(2) NR10遺伝子のクロモソームマッピング

NR10の染色体地図作成のため、24本のクロモソームのヒト/マウス体細胞系(Dubois B.L. and Naylor S., 1993, Genomics; 16, 315-319)のそれから得られるDNAを鋳型として、PCR解析を試みた。

実施例8(1)のNR10-イントロンプライマーをセンスプライマーに用い、また、実施例1(2)にて作成したNA10-A1プライマーをアンチセンスプライマー

- 63 -

として利用した。PCR 実験には、Advantage cDNA Polymerase Mix (Clontech#841 7-1) を用いた。Perkin Elmer Gene Amp PCR System 2400 サーマルサイクラーを使用し、下記の PCR 条件で実施した結果、ヒトクロモソーム染色体第 5 番に NR10 遺伝子が存在する可能性を示唆する 359bp の標的增幅産物が得られた。

PCR は、94°Cで 4 分、「94°Cで 20 秒、70°Cで 60 秒」を 5 サイクル、「94°Cで 20 秒、68°Cで 60 秒」を 28 サイクル、72°Cで 3 分、および 4°Cにて終結、の条件にて実施した。

得られた PCR 産物は、実施例 1 (3) に従い、pGEM-T Easy vector (Promega #A1360) にサブクローニングし、ABI PRISM 337 DNA Sequencer での解析によつて塩基配列を決定した。独立する 8 クローンの遺伝子組換え体に対し、全インサート断片の塩基配列を解析した結果、NR10 の部分配列を含む、標的ゲノム DNA 断片の塩基配列であることを認め、それが非特異的な増幅産物である可能性を否定した。

上記により使用したプライマーセットが特異的に正しく作用していることを確認した後、さらに、NR10 遺伝子の領域座を、GeneBridge 4 ラジエイションハイブリッドパネル 93 (Walter et al., 1994, Nature Genetics; 7, 22-28.) を用いて決定した。上記同様に、NR10-イントロン、及び NA10-A1 プライマーセットを用い、GeneBridge 4 ラジエイションハイブリッドパネル 93 を鑄型とした PCR 解析を、上記同様の反応条件にて実施した。それぞれのハイブリッドにおける増幅産物に対して正、或いは負の定量的評価を行った。その結果を 2 進符号に置換した後、アドレス [<http://www.carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhMapper.pl>] にあるサーバ内のプログラムを用いて、フレムワーク地図を作成する遺伝子地図マークについての類似コードと比較し、染色体上の位置を同定した。その結果、NR10 は、確かに染色体第 5 番の中心体付近にマップされ、さらにマーカー WI-3071(60-61 cM) と AFM183YB8(67 cM) の間に存在することが確認された。

染色体第 5 番領域には、本発明者等が当初データベース検索によって NR10 を同

定するために利用した、質問式配列であるヒト gp130、及びヒト LIF 受容体遺伝子もマップされている。即ち、ヒト gp130 遺伝子は染色体第 5 番 q11(67.2-69.6 cM)にマップされており、ヒト LIF 受容体遺伝子は染色体第 5 番 p12-p13(59.9-61.1 cM)にマップされている。

一方 NR10 がこれら双方の中間である、染色体第 5 番 61-67 cM にマップされたことは、進化遺伝子学的にも大変意義深い。即ち、同受容体ファミリー遺伝子群の中において構造的に比較的高い相同性を示すこれら、ヒト gp130、ヒト LIF 受容体、及びヒト NR10 遺伝子がヒト染色体第 5 番の、しかも極く限られた領域に近接して位置している事実は、これら 3 種の異なる受容体遺伝子が、本来は同一の祖先遺伝子に由来し、長い生物進化の過程において、その構造性のみならず、機能性においても多様的遺伝子進化を成し遂げたとの仮説をも充分に示唆し得る。

産業上の利用の可能性

本発明により新規なヘモポエチン受容体蛋白質及びそれをコードする DNA が提供された。また、該 DNA が挿入されたベクター、該 DNA を保持する形質転換体、該形質転換体を利用した組換え蛋白質の製造方法が提供された。さらに、該蛋白質に結合する天然のリガンドあるいは化合物のスクリーニング方法が提供された。本発明の蛋白質は、免疫や造血機能に関与すると考えられることから、免疫関連疾患や造血関連疾患の診断や治療への応用が期待される。

上に述べた通り、NR10 遺伝子は、それがコードする受容体蛋白と機能結合し得る、未知の造血因子やアゴニストを得るために有用な材料を提供するものと考えられる。このような機能結合物質、或いは NR10 分子機能を活性化し得る特異的抗体の生体投与により、生体の細胞性免疫の増強や造血機能の増強が可能であると予測される。つまり、免疫担当細胞、或いは造血細胞の増殖促進剤、または分化促進剤、或いは免疫細胞機能活性化剤としての臨床応用が可能である。また、それらを介して、ある特定種の癌組織に対する細胞傷害性免疫を高めることも可能

であると考える。さらに、NR10.1 の発現はこれら造血組織中の限られた細胞集団に特異的に発現している可能性が想定され、この細胞集団を分離する手段として抗 NR10 抗体は有用である。この様にして分離された細胞集団は細胞移植療法への応用が可能である。

一方、NR10 のスプライス変異体である NR10.2 はデコイ型受容体として NR10 リガンドに対する阻害剤としての利用が想定される。また、NR10 分子に機能結合し得るアンタゴニストや、その他阻害剤、或いは NR10 分子機能を阻害し得る特異的抗体の生体投与により、生体の細胞性免疫の抑制や造血細胞の増殖抑制が可能であると予測される。このような阻害物質は免疫担当細胞や造血細胞の増殖抑制剤、または分化抑制剤、或いは免疫抑制剤や抗炎症剤としての臨床応用が可能である。具体的には、自己組織傷害性に起因する自己免疫疾患発症の抑制や、移植免疫の領域において最大の問題となる、生体免疫による組織拒絶応答の抑制にも応用できる可能性もある。さらには、免疫反応の異常亢進により惹起された疾患領域に対して、極めて有効であると考えられ、金属や花粉などに対する種々の抗原特異的アレルギーに対しても、上記阻害剤を用いた免疫抑制による解決が有効であると考えられる。

請求の範囲

1. 下記 (a) から (d) のいずれかに記載のDNA。

(a) 配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列からなる蛋白質をコードするDNA。

(b) 配列番号：1、3、または16かに記載の塩基配列のコード領域を含むDNA。

(c) 配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列において1若しくは複数個のアミノ酸の欠失、付加及び／又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列からなる、配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等な蛋白質をコードするDNA。

(d) 配列番号：1、3、または16に記載の塩基配列からなるDNAとストリッジェントな条件下でハイブリダイズするDNAであって、配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列からなる蛋白質と機能的に同等な蛋白質をコードするDNA。

2. 配列番号：2、4、または17に記載のアミノ酸配列からなる蛋白質の部分ペプチドをコードするDNA。

3. 請求項1または2に記載のDNAが挿入されたベクター。

4. 請求項1または2に記載のDNAを発現可能に保持する形質転換体。

5. 請求項1または2に記載のDNAによりコードされる蛋白質またはペプチド。

6. 請求項4に記載の形質転換体を培養し、該形質転換体またはその培養上清から発現させたタンパク質を回収する工程を含む、請求項5に記載の蛋白質またはペプチドの製造方法。

7. 請求項5に記載の蛋白質に結合する化合物をスクリーニングする方法であつて、

- 67 -

- (a) 請求項 5 に記載の蛋白質またはその部分ペプチドに被験試料を接触させる工程、および
- (b) 請求項 5 に記載の蛋白質またはその部分ペプチドと被験試料との結合活性を検出する工程、
- (c) 請求項 5 に記載の蛋白質またはその部分ペプチドに結合する活性を有する化合物を選択する工程、を含む方法。

8. 請求項 5 に記載の蛋白質に結合する抗体。
9. 請求項 8 に記載の抗体と、請求項 5 に記載の蛋白質が含まれると予想される試料とを接触せしめ、該抗体と該蛋白質との免疫複合体の生成を検出又は測定することを含む、請求項 5 に記載の蛋白質の検出又は測定方法。
10. 配列番号：1、3 または 16 に記載の塩基配列からなるDNAまたはその相補鎖に相補的な少なくとも 15 ヌクレオチドを含むポリヌクレオチド。

1 / 14

1

1 ttgggtggttcatggtgatgttctatatctgtgtaagtaccaattttcccaggcacatat
61 ggaagtctgttaataaaaaatgatataatttaaaattttagtttagactgtttactagttcta
121 aaaatgtaaaagtacacttaggttagtgaagagggaaatgggaggataacgtgtggctcca
181 tttcagtttacgattgtctctgtctttagatggaagtcaacttcgctaagaaccgtaag

MetGluValAsnPheAlaLysAsnArgLys

241 gataaaaaaccaaacgtacaacctcacggggctgcaaccttntacagaatatgtcataact
AspLysAsnGlnThrTyrAsnLeuThrGlyLeuGlnProXxxThrGlu**TyrValIleAla**

301 ctgcgatgtgcggtaaggagtcaaagttctggagtgactggagccaaagaaaaatggga
LeuArgCysAlaValLysGluSerLysPheTrpSerAspTrpSerGlnGluLysMetGly

361 atgactgaggaagaaangcaagctacttcctgcattcccgctgtctgtctgggttan
MetThrGluGluGluXxxLysLeuLeuProAlaIlePro

421 ggctgctctgcgctaaaccttgggtgtctgcaccacccg

2 / 14

図 2

<p>* * * *</p> <p>hNR10 IYNLTGELPTTEKVIARECAVKEESK- SFTVQDRKPTTEKVIARECAVKEESK- OMKRBDGKGAISDMSKEASECJYE</p>	<p>* * * *</p> <p>hNR10 ITGLQEELLEVIAFRCAVKESKFWIS DKLNEMLYTFRERESTETFWKWSK -QEKMGMTEE</p>	<p>* * * *</p> <p>hNR10 NQTYNFGEOPFTTEYNTIAFRCAVKESK- NGEYFESEEAIEYMARYRCN-DASH -QEKMGMTEE</p>	<p>* * * *</p> <p>hNR10 AKNRKDKNQTYNTGEPETEVIALRCAYKESK- AKGRHLDIKXPETEYEFQISSKKHYKG -FWSIONSOEKMGMTEE</p>	<p>* * * *</p> <p>hNR10 NOIY-NLTGCFEEYVIALRC- NOISCREAGTREGBGHIVYFYQVEX -AVKESKFWSIINSQEKMGMIEEEC</p>
<p>gp130 IPTTEKVIARECAVKEESK- IPTTEKVIARECAVKEESK-</p>	<p>hLIFR ITGLQEELLEVIAFRCAVKESKFWIS ITGLQEELLEVIAFRCAVKESKFWIS -QEKMGMTEE</p>	<p>OSMRB NQTYNFGEOPFTTEYNTIAFRCAVKESK- NQTYNFGEOPFTTEYNTIAFRCAVKESK- -QEKMGMTEE</p>	<p>ILL2R AKNRKDKNQTYNTGEPETEVIALRCAYKESK- AKGRHLDIKXPETEYEFQISSKKHYKG -FWSIONSOEKMGMTEE</p>	<p>hNR 6 NOIY-NLTGCFEEYVIALRC- NOISCREAGTREGBGHIVYFYQVEX -AVKESKFWSIINSQEKMGMIEEEC</p>

3 / 14

图 3

1 CGCTTATAAATGAATGTGTGCTTAGAACACCAGACAGCACTCCAGCACTCTGCTTGGGG
 61 GGCATTGAAACAGCAAAATCACTCATAAAAGGCAAAAAATTGCAAAAAAAATAGTAATA
 121 ACCAGCATGGTACTAAATAGACCATGAAAGACATGTGTGCACTATGAAAATTGAGAC
 181 AGGAAGGCAGAGTGTCAAGCTGTTCACCTCAGCTGGAAATGTGCATCAGGCAACTCAAG
 241 TTTTCACCACGGCATGTGTCTGTGAATGTCCGCAAAACATTAAACAATAATGCAATCC
 301 ATTTCCCAGCATAAGTGGTAAGTGCCACTTGACTTGGCTGGCTTAAAGCACAAGA
 361 AAAGCTCGCAGACAATCAGAGTGGAAACACTCCCACATCTTAGTGTGGATAAATTAAAGT
 421 CCAGATTGTTCTCCTGTCTGACTTGTGCTGTGGAGGTGGAGTTGCCTTGATGCAAA
 481 TCCTTGAGCCAGCAGAACATCTGTGGAACATCCCCGATAACATGAAGCTCTCCCCAG

Met Lys Leu Ser Pro Gln

541 CCTTCATGTGTTAACCTGGGATGATGTGGACCTGGCAGCTGTGGATGCTCCCCCTCACTC
Pro Ser Cys Val Asn Leu Gly Met Met Trp Thr Trp Ala Leu Trp Met Leu Pro Ser Leu
 601 TGCAAATTCA~~G~~CCTGGCAGCTCTGCCAGCTAACGCTGAGAACATTCC~~T~~GTGTCTACTAC
Cys Lys Phe Ser Leu Ala Ala Leu Pro Ala Lys Pro Glu Asn Ile Ser Cys Val Tyr Tyr
 661 TATAGGAAAATTAAACCTGCAC~~T~~GGAGTCCAGGAAAGGAAACCAGTTATA~~CC~~CAGTAC
Tyr Arg Lys Asn Leu Thr Cys Thr Trp Ser Pro Gly Lys Glu Thr Ser Tyr Thr Gln Tyr
 721 ACAGTTAACAGAAACTTACGCTTCGGAGAAAAACATGATAATTGTACAACCAATAGTTCT
Thr Val Lys Arg Thr Tyr Ala Phe Gly Glu Lys His Asp Asn Cys Thr Thr Asn Ser Ser
 781 ACAAGTGAAAATCGTCTCGTCTCTTTCC~~A~~AGAACATAACGATCCCAGATAAT
Thr Ser Glu Asn Arg Ala Ser Cys Ser Phe Phe Leu Pro Arg Ile Thr Ile Pro Asp Asn
 841 TATACCATTGAGGTGGAAGCTGAAAATGGAGATGGTGTAAATTAAATCTCATATGACATAC
Tyr Thr Ile Glu Val Glu Ala Glu Asn Gly Asp Gly Val Ile Lys Ser His Met Thr Tyr
 901 TGGAGATTAGAGAACATAGCGAAA~~A~~CTGAACCACCTAACGATTTCCGTGTGAAACCAGTT
Trp Arg Leu Glu Asn Ile Ala Lys Thr Glu Pro Pro Lys Ile Phe Arg Val Lys Pro Val
 961 TTGGGCATCAAACGAATGATTCAAATTGAATGGATAAAGCCTGAGTTGGCGCTGTTCA
Leu Gly Ile Lys Arg Met Ile Gln Ile Glu Trp Ile Lys Pro Glu Leu Ala Pro Val Ser
 1021 TCTGATTAAAATACACACTTCGATTCAAGCAGTCAACAGTACCAAGCTGGATGGAAGTC
Ser Asp Leu Lys Tyr Thr Leu Arg Phe Arg Thr Val Asn Ser Thr Ser Trp Met Glu Val
 1081 AACTTCGCTAACGTAAGGATAAAAACCAAACGTACAAACCTCACGGGGCTGCAGCCT
Asn Phe Ala Lys Asn Arg Lys Asp Lys Asn Gln Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Leu Gln Pro
 1141 TTTACAGAATATGTCATAGCTCTGCGATGTGCGGTCAAGGAGTC~~AA~~AGTTCTGGAGTGAC
Phe Thr Glu Tyr Val Ile Ala Leu Arg Cys Ala Val Lys Glu Ser Lys Phe Trp Ser Asp

4 / 1 4

図 4

1201 TGGAGCCAAGAAAAATGGAATGACTGAGGAAGAAGCTCCATGTGGCCTGGAACTGTGG
[TrpSer]GlnGluLysMetGlyMetThrGluGluGluAlaProCysGlyLeuGluLeuTrp
1261 AGAGTCCTGAAACCAGCTGAGGCGGATGGAAGAAGGCCAGTGCGGTTATGGAAGAACG
ArgValLeuLysProAlaGluAlaAspGlyArgArgProValArgLeuLeuTrpLysLys
1321 GCAAGAGGAGCCCCAGTCCTAGAGAAAACACTGGCTACAACATATGGTACTATCCAGAA
AlaArgGlyAlaProValLeuGluLysThrLeuGlyTyrAsnIleTrpTyrTyrProGlu
1381 AGCAACACTAACCTCACAGAAACAATGAAACACTAAACCAGCAGCTTGAACTGCATCTG
SerAsnThrAsnLeuThrGluThrMetAsnThrAsnGlnGlnLeuGluLeuHisLeu
1441 GGAGGCGAGAGCTTTGGGTGTCTATGATTCTATAATTCTCTGGGAAGTCTCCAGTG
GlyGlyGluSerPheTrpValSerMetIleSerTyrAsnSerLeuGlyLysSerProVal
1501 GCCACCTGAGGATTCCAGCTATTCAAGAAAATCATTCAGTGCATTGAGGTCAATGCAG
AlaThrLeuArgIleProAlaIleGlnGluLysSerPheGlnCysIleGluValMetGln
1561 GCCTGCGTTGCTGAGGACCAGCTAGTGGTGAAGTGGCAAAGCTCTGCTCTAGACGTGAAC
AlaCysValAlaGluAspGlnLeuValValLysTrpGlnSerSerAlaLeuAspValAsn
1621 ACTTGGATGATTGAATGGTTCCGGATGTGGACTCAGAGCCCACCACCCCTTCTGGAA
ThrTrpMetIleGluTrpPheProAspValAspSerGluProThrThrLeuSerTrpGlu
1681 TCTGTGTCTCAGGCCACGAACGGACGATCCAGCAAGATAAAATTAAACCTTCTGGTGC
SerValSerGlnAlaThrAsnTrpThrIleGlnGlnAspLysLeuLysProPheTrpCys
1741 TATAACATCTGTGTATCCAATGTTGCATGACAAAGTTGGCGAGCCATATTCCATCCAG
TyrAsnIleSerValTyrProMetLeuHisAspLysValGlyGluProTyrSerIleGln
1801 GCTTATGCCAAAGAAGGCGTCCATCAGAAGGTCTGAGACCAAGGTGGAGAACATTGGC
AlaTyrAlaLysGluGlyValProSerGluGlyProGluThrLysValGluAsnIleGly
1861 GTGAAGACGGTCACGATCACATGGAAAGAGATTCCCAAGAGTGAGAGAAAGGGTATCATC
ValLysThrValThrIleThrTrpLysGluIleProLysSerGluArgLysGlyIleIle
1921 TGCAACTACACCATCTTACCAAGCTGAAGGTGGAAAAGGATTCTCCAAGACAGTCAT
CysAsnTyrThrIlePheTyrGlnAlaGluGlyGlyLysGlyPheSerLysThrValAsn
1981 TCCAGCATCTTGCAGTACGGCCTGGAGTCCCTGAAACGAAAGACCTCTTACATTGTTAG
SerSerIleLeuGlnTyrGlyLeuGluSerLeuLysArgLysThrSerTyrIleValGln
2041 GTCATGGCCAACACCAGTGCTGGGGAAACCAACGGGACCAGCATAAAATTCAAGACATTG
ValMetAlaAsnThrSerAlaGlyGlyThrAsnGlyThrSerIleAsnPheLysThrLeu
2101 TCATTCACTGTCTTGAGATTATCCTCATAACTCTCTGATTGGTGGAGGCCTCTTATT
SerPheSerValPheGluIleIleLeuIleThrSerLeuIleGlyGlyLeuLeuIle

5 / 1 4

図 5

2161 CTCATTATCCTGACAGTGGCATATGGTCTAAAAACCCAACAAATTGACTCATCTGTGT
LeuIleIleLeuThrValAlaTyxGlyLeuLysLysProAsnLysLeuThrHisLeuCys
2221 TGGCCCACCCTCCCAACCCCTGCTGAAAGTAGTATAGGCCACATGGCATGGAGATGATTTC
TrpProThrValProAsnProAlaGluSerSerIleAlaThrTrpHisGlyAspAspPhe
2281 AAGGATAAGCTAACCTGAAGGAGTCTGATGACTCTGTGAACACAGAACAGACAGGATCTTA
LysAspLysLeuAsnLeuLysGluSerAspAspSerValAsnThrGluAspArgIleLeu
2341 AAACCATGTTCCACCCCCAGTGACAAGTTGGTATTGACAAGTTGGTGGTGAACCTTG
LysProCysSerThrProSerAspLysLeuValIleAspLysLeuValValAsnPheGly
2401 AATGTTCTGCAAGAAATTTCACAGATGAAGGCCAGAACGGGTCAAGGAAAACAATTAGG
AsnValLeuGlnGluIlePheThrAspGluAlaArgThrGlyGlnGluLysGlnPheArg
2461 AGGGGAAAAGAATGGGACTAGAATTCTGTCTCCTGCCCAACTCAATATAAGTGTGGAC
ArgGlyLysGluTrpAsp***
2521 TAAAATGCGAGAAAGGTGTCCTGTGGTCTATGCAAATTAGAAAGGACATGCAGAGTTTC
2581 CAACTAGGAAGACTGAATCTGTGGCCCCAAGAGAACCATCTCCGAAGACTGGGTATGTGG
2641 TCTTTCCACACATGGACCACCTACGGATGCAATCTGTAATGCATGTGCATGAGAAGTCT
2701 GTTATTAAGTAGAGTGTGAAAACATGGTTATGTAATAGGAACAGCTTTAAAATGCTTT
2761 TGTATTTGGCCTTCACACAAAAAGCCATAATACCATTTCATGTAATGCTATACTTC
2821 TATACTATTTCATGTAATACTATACTTCTATACTATTTCATGTAATACTATACTTCTA
2881 TACTATTTCATGTAATACTATACTTCTATATTAAAGTTTACCCACTCCAAAAAGAA
2941 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

6 / 1 4

図 6

1 CGCTTATAAATGAATGTGCTTAGAACACCAGACAGCACTCCAGCACTCTGCTTGGGG
 61 GGCATTGAAACAGCAAAATCACTCATAAAAGGCAAAAAATTGCAAAAAAAATAGTAATA
 121 ACCAGCATGGTACTAAAATAGACCATGAAAAGACATGTGTGCACTGAGAC
 181 AGGAAGGCAGAGTGTCAAGCTGTTCCACCTCAGCTGGGAATGTGCATCAGGCAACTCAAG
 241 TTTTCACCACGGCATGTGTCTGTGAATGTCCGCAAAACATTTAACAAATAATGCAATCC
 301 ATTTCCCAGCATAAGTGGTAAGTGCCACTTGACTTGGCTGGCTTAAAGCACAAGA
 361 AAAGCTCGCAGACAATCAGAGTGGAAACACTCCCACATCTAGTGTGGATAAAATTAAAGT
 421 CCAGATTGTTCTCCTGTCCCTGACTTGTGCTGTGGAGGTGGAGTTGCCTTGATGCAA
 481 TCCTTGAGCCAGCAGAACATCTGTGGAACATCCCCGATACATGAAGCTCTCCCCAG
 MetLysLeuSerProGln
 541 CCTTCATGTGTTAACCTGGGATGATGTGGACCTGGGACTGTGGATGCTCCCCTCACTC
ProSerCysValAsnLeuGlyMetMetTrpThrTrpAlaLeuTrpMetLeuProSerLeu
 601 TGCAAATTAGCCCTGGCAGCTCTGCCAGCTAACGCTGAGAACATTCCCTGTGTCTACTAC
CysLysPheSerLeuAlaAlaLeuProAlaLysProGluAsnIleSerCysValTyrTyr
 661 TATAGGAAAATTAAACCTGCACTTGGAGTCCAGGAAAGGAAACCAGTTACCCAGTAC
TyrArgLysAsnLeuThrCysThrTrpSerProGlyLysGluThrSerTyrThrGlnTyr
 721 ACAGTTAACGAGAACTTACGCTTCGGAGAAAAACATGATAATTGTACAACCAATAGTTCT
ThrValLysArgThrTyrAlaPheGlyGluLysHisAspAsnCysThrThrAsnSerSer
 781 ACAAGTGAAAATCGTGCTCGTGTCTTTTCCCAAGAACATAACGATCCCAGATAAT
ThrSerGluAsnArgAlaSerCysSerPhePheLeuProArgIleThrIleProAspAsn
 841 TATAACCATTGAGGTGGAAGCTGAAAATGGAGATGGTGTAAATTAAATCTCATATGACATAC
TyrThrIleGluValGluAlaGluAsnGlyAspGlyValIleLysSerHisMetThrTyr
 901 TGGAGATTAGAGAACATAGCGAAAACCTGAACCACTAACGATTTCCGTGTGAAACCAGTT
TrpArgLeuGluAsnIleAlaLysThrGluProProLysIlePheArgValLysProVal
 961 TTGGGCATCAAACGAATGATTCAAATTGAATGGATAAACGCTGAGTTGGCGCCTGTTCA
LeuGlyIleLysArgMetIleGlnIleGluTrpIleLysProGluLeuAlaProValSer
 1021 TCTGATTAAACACACTTCGATTCAAGCACAGTCAACAGTACCACTCACGGGCTGCAGCCT
SerAspLeuLysTyrThrLeuArgPheArgThrValAsnSerThrSerTrpMetGluVal
 1081 AACTTCGCTAACGAGAACGTAAGGATAAAAACAAACGTCACACCTCACGGGCTGCAGCCT
AsnPheAlaLysAsnArgLysAspLysAsnGlnThrTyrAsnLeuThrGlyLeuGlnPro
 1141 TTTACAGAATATGTCATAGCTCTGCGATGTGGGTCAAGGAGTCAGGTTCTGGAGTGAC
PheThrGluTyrValIleAlaLeuArgCysAlaValLysGluSerLysPheTrpSerAsp

7 / 14

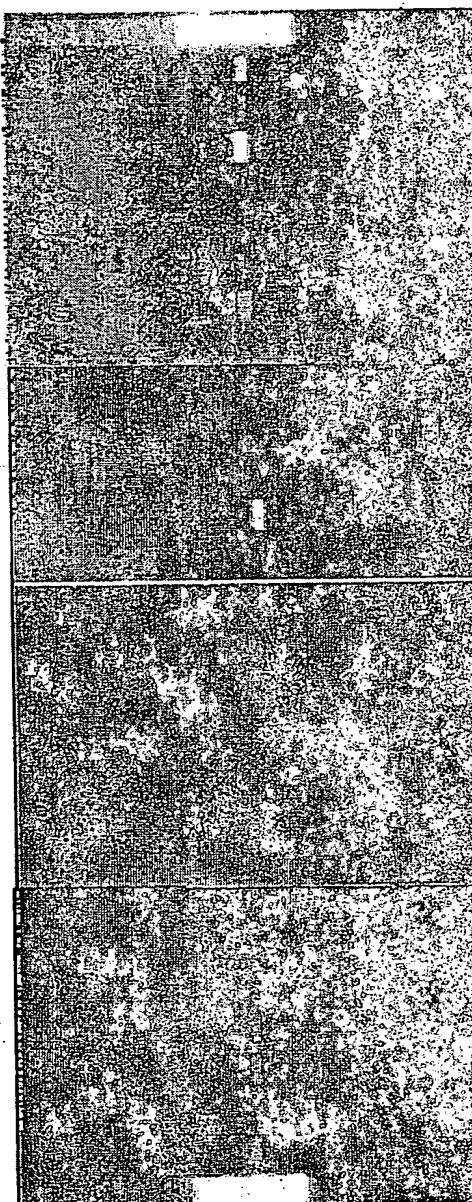
图 7

1201 TGGAGCCAAGAAAAATGGAATGACTGAGGAAGAAGGCAAGCTACTCCCTGCGATTCCC
TrpSerGlnGluLysMetGlyMetThrGluGluGluGlyLysLeuLeuProAlaIlePro
1261 GTCCTGTCTACTCTGGTGTAGGGCTGCTTGGGCTAGACTTGGTGGGGTTGTCACCACC
ValLeuSerThrLeuVal***
1321 TGGTTGGGAATCATGGAATCTCATGACCCCAGGGCCCCCTGTACCATCGAGAGTGAGCC
1381 TGCACAACCTTGTGCCCAAAGGCAAAGGATCACATTTAACACTCATGAGGTTCTTATA
1441 CTATACATGAAAGGGTATCATATCATTGTTGTTGTTTGTGAGATGGAGTC
1501 TTACTCTGTCACCCAGGATGGAGTGCAGTGATGTGATCTCGGCTCACTGCCACCACC
1561 TCCCAGTTCAAGCAATTCTTGTGCCTCAGCCTCCAAAGTAGCTGGATTACAGGGGCC
1621 ACGACCATGCCGGTTGATTTGTATTTAGTAGAGAAGGGATATCACCATGTTGGCT
1681 AGGCTAGTCTTGAACCTCTGACCTCAGGTAACTGCCACCTTGACCTCCAAAGTGTG
1741 GGATTACAGCGTGAGCCACTGTGCCCGCCAGTATCATATCATCTGAAGGTATCCTGTG
1801 ATAAAATTAAAGATAACATATTGTGAATCCTGGAGCTACTACTCAAAAAATAAAGGTG
1861 TAACTAATACAATTAAAAATCACATTTAACAGACTGAGGAAAGGAAAGAGGCCATG
1921 GATTGCAGGTTGATGGAGTGCTTAAGTGTCACTGGTCAATTAGAGCAACGCTTCC
1981 AGTCAGTGGCCTGGCTTAAATCCAAGCCAGGTGTCTTGGCAAGATACTAAACTCT
2041 CAGTTCATTCTCAGCAGTTCTCGCATTATTCCCTTTCTATATTGAAATAGAATAT
2101 GTAAGTTGAGTTATAGTAGTACCTATTTTAGTATTATTTAAAGATTAATGAAATA
2161 ATGTGTTAGCCCAGTATGAGATATTCACTAACTGCTAGACTCCATTCTTATTATT
2221 CCTCCTACTATTATTTAACCTCCCTAAAGCACTATAAAATATGTAGAGTCACTCCCA
2281 TTTTGGAAATGAGGAAACTGAGTTCAAGAGATGCTAATAAACAGCTCAGGGTCACTCAGC
2341 ATGTGTTACTTTCTCAAGAGCCTGCCAGAGTCTGACCCCTCAGTGGACGATCAATAAA
2401 TGTGTGATGAATGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

8 / 14

図 8

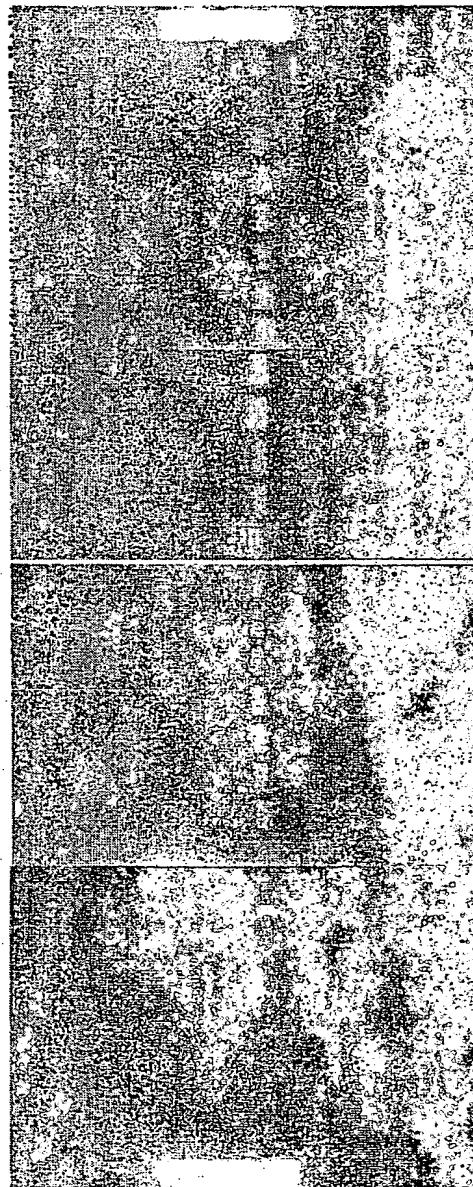
胎児胸腺
胎児脾臓
胎児骨格筋
胎児肺
胎児肝臓
胎児腎臓
胎児心臓
胎児脳
大腸
小腸
卵巢
精巣
前立腺
脾臓
腎臓
骨格筋
肝臓
肺
胎盤
脳
心臓
扁桃
胎児肝臓
骨髓
末梢血白血球
胸腺
リンパ節
脾臓



9 / 14

図 9

胎児胸腺
胎児脾臓
胎児骨格筋
胎児肺
胎児肝臓
胎児腎臓
胎児心臓
胎児脳
大腸
小腸
卵巣
精巣
前立腺
脾臓
腎臓
骨格筋
肝臓
肺
胎盤
脳
心臓
扁桃
胎児肝臓
骨髓
末梢血白血球
胸腺
リンパ節
脾臓



10 / 14

図 10

胎児胸腺
胎児脾臓
胎児骨格筋
胎児肺
胎児肝臓
胎児腎臓
胎児心臓
胎児脳
大腸
小腸
卵巢
精巣
前立腺
胰臓
腎臓
骨格筋
肝臓
肺
胎盤
脳
心臓
扁桃
胎児肝臓
骨髓
末梢血白血球
胸腺
リンパ節
脾臓



11 / 14

図 1 1

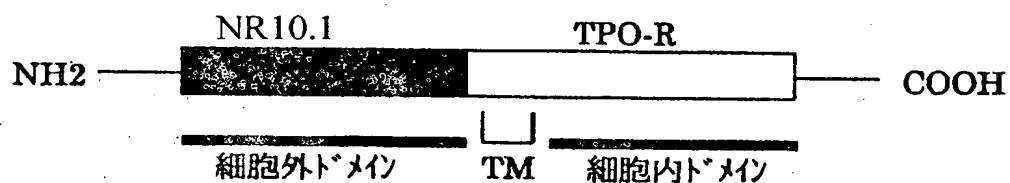
胎児胸腺
胎児脾臓
胎児骨格筋
胎児肺
胎児肝臓
胎児腎臓
胎児心臓
胎児脳
大腸
小腸
卵巢
精巣
前立腺
脾臓
腎臓
骨格筋
肝臓
肺
胎盤
脳
心臓
扁桃
胎児肝臓
骨髓
末梢血白血球
胸腺
リンパ節
脾臓



12 / 14

図 12

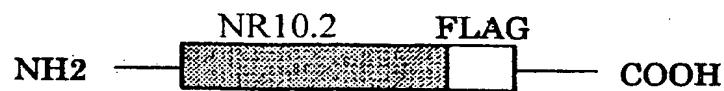
pEF-NR10/TPO-R



pET-NR10/IgG-Fc



pEF-BOS/NR10.2FLAG



13 / 14

☒ 1 3

1 CCCCTGATACATGAAGCTCTCTCCCCAGCCTTCATGTGTTAACCTGGGGATGATGTGGAC
MetLysLeuSerProGlnProSerCysValAsnLeuGlyMetMetTrpThr
 61 CTGGGCACTGTGGATGCTCCCCTCACTCTGCAAATTAGCCTGGCAGCTCTGCCAGCTAA
TrpAlaLeuTrpMetLeuProSerLeuCysLysPheSerLeuAlaAlaLeuProAlaLys
 121 GCCTGAGAACATTTCTGTGTCTACTACTATAGGAAAAATTAAACCTGCACTTGGAGTCC
ProGluAsnIleSerCysValTyrTyrTyrArgLysAsnLeuThrCysThrTrpSerPro
 181 AGGAAAGGAAACCAGTTATACCCAGTACACAGTTAAGAGAACTTACGCTTTGGAGAAA
GlyLysGluThrSerTyrThrGlnTyrThrValLysArgThrTyrAlaPheGlyGluLys
 241 ACATGATAATTGTACAACCAATAGTTCTACAAGTGAAAATCGTGCCTCGTGCCTTTTTT
HisAspAsnCysThrThrAsnSerSerThrSerGluAsnArgAlaSerCysSerPhePhe
 301 CCTTCCAAGAATAACGATCCCAGATAATTATACCATTGAGGTGGAAGCTGAAAATGGAGA
LeuProArgIleThrIleProAspAsnTyrThrIleGluValGluAlaGluAsnGlyAsp
 361 TGGTGTAAATTAAATCTCATATGACATACTGGAGATTAGAGAACATAGCGAAAATGAACC
GlyValIleLysSerHisMetThrTyrTrpArgLeuGluAsnIleAlaLysThrGluPro
 421 ACCTAACGATTTCCGTGTGAAACCAGTTGGGCATCAAACGAATGATTCAAATTGAATG
ProLysIlePheArgValLysProValLeuGlyIleLysArgMetIleGlnIleGluTrp
 481 GATAAACGCTGAGTTGGCGCTGTTCATCTGATTAAAACACACTTCGATTCAAGGAC
IleLysProGluLeuAlaProValSerSerAspLeuLysTyrThrLeuArgPheArgThr
 541 AGTCAACAGTACCAGCTGGATGGAAGTCACCTCGCTAAGAACCGTAAGGATAAAAACCA
ValAsnSerThrSerTrpMetGluValAsnPheAlaLysAsnArgLysAspLysAsnGln
 601 AACGTACAACCTCACGGGCTGCAGCCTTACAGAATATGTCATAGCTCTGCATGTGC
ThrTyrAsnLeuThrGlyLeuGlnProPheThrGluTyrValIleAlaLeuArgCysAla
 661 GGTCAAGGAGTCAAAGTTCTGGAGTGACTGGAGCCAAGAAAAATGGGAATGACTGAGGA
ValLysGluSerLysPheTrpSerAspTrpSerGlnGluLysMetGlyMetThrGluGlu
 721 AGAACGCTCCATGTGGCCTGGAACTGTGGAGAGTCCTGAAACCAGCTGAGGCGGATGGAAG
GluAlaProCysGlyLeuGluLeuTrpArgValLeuLysProAlaGluAlaAspGlyArg
 781 AAGGCCAGTGCAGTTGTTATGGAAGAAGGCAAGAGGAGCCCCAGTCCTAGAGAAAACACT
ArgProValArgLeuLeuTrpLysLysAlaArgGlyAlaProValLeuGluLysThrLeu
 841 TGGCTACAACATATGGTACTATCCAGAAAGCAACACTAACCTCACAGAAACAATGAACAC
GlyTyrAsnIleTrpTyrTyrProGluSerAsnThrAsnLeuThrGluThrMetAsnThr
 901 TACTAACCGAGCTTGAACACTGCATCTGGAGGGCGAGAGCTTTGGGTGTCTATGATTTC
ThrAsnGlnGlnLeuGluLeuHisLeuGlyGlyGluSerPheTrpValSerMetIleSer
 961 TTATAATTCTCTGGGAAGTCTCCAGTGGCCACCCCTGAGGATTCCAGCTATTCAAGAAA
TyrAsnSerLeuGlyLysSerProValAlaThrLeuArgIleProAlaIleGlnGluLys
 1021 ATCATTTCAGTGCATTGAGGTCATGCAGGCCTGCGTTGCTGAGGACCAGCTAGTGGTGAA

14 / 14

図 14

SerPheGlnCysIleGluValMetGlnAlaCysValAlaGluAspGlnLeuValValLys
 1081 GTGGCAAAGCTCTGCTCTAGACGTGAACACTGGATGATTGAATGGTTCCGGATGTGGA
 TrpGlnSerSerAlaLeuAspValAsnThrTrpMetIleGluTrpPheProAspValAsp
 1141 CTCAGAGCCCACCACCCCTTCCTGGAACTGTGTCTCAGGCCACGAACTGGACGATCCA
 SerGluProThrThrLeuSerTrpGluSerValSerGlnAlaThrAsnTrpThrIleGln
 1201 GCAAGATAAAATTAAAACCTTCTGGTGCTATAAACATCTGTGTATCCAATGTTGCATGA
 GlnAspLysLeuLysProPheTrpCysTyrAsnIleSerValTyrProMetLeuHisAsp
 1261 CAAAGTTGGCGAGCCATATTCCATCCAGGCTATGCCAAAGAAGGCAGTCCATCAGAAGG
 LysValGlyGluProTyrSerIleGlnAlaTyrAlaLysGluGlyValProSerGluGly
 1321 TCCTGAGACCAAGGTGGAGAACATTGGCGTGAAGACGGTCACGATCACATGGAAAGAGAT
 ProGluThrLysValGluAsnIleGlyValLysThrValThrIleThrTrpLysGluIle
 1381 TCCCCAAGAGTGGAGAGAAAGGGTATCATCTGCAACTACACCACATTTACCAAGCTGAAGG
 ProLysSerGluArgLysGlyIleIleCysAsnTyrThrIlePheTyrGlnAlaGluGly
 1441 TGGAAAAGGATTCTCCAAGACAGTCATTCCAGCATCTGCAGTACGGCCTGGAGTCCT
 GlyLysGlyPheSerLysThrValAsnSerSerIleLeuGlnTyrGlyLeuGluSerLeu
 1501 GAAACGAAAGACCTTTACATTGTTAGGTCAAGGCAGCACCAGTGCCTGGGGAAACAA
 LysArgLysThrSerTyrIleValGlnValMetAlaSerThrSerAlaGlyGlyThrAsn
 1561 CGGGACCAGCATAAATTCAAGACATTGTCATTCAAGTGTCTTGAGATTATCCTCATAAC
 GlyThrSerIleAsnPheLysThrLeuSerPheSerValPheGluIleIleLeuIleThr
 1621 TTCTCTGATTGGTGGAGGCCTTCTTATTCTCATTATCCTGACAGTGGCATATGGTCTCAA
 SerIleIleGlyGlyLeuIleLeuIleLeuIleLeuIleLeuIleLeuIleLeuIleThr
 1681 AAAACCCAACAAATTGACTCATCTGTGTGGCCACCCTCCAAACCCCTGCTGAAAGTAG
 LysProAsnLysLeuThrHisLeuCysTrpProThrValProAsnProAlaGluSerSer
 1741 TATAGCCACATGGCATGGAGATGATTCAAGGATAAGCTAAACCTGAAGGAGTCTGATGA
 IleAlaThrTrpHisGlyAspAspPheLysAspLysLeuAsnLeuLysGluSerAspAsp
 1801 CTCTGTGAACACAGAACAGGATCTTAAACCATGTTCCACCCCCAGTGACAAGTTGGT
 SerValAsnThrGluAspArgIleLeuLysProCysSerThrProSerAspLysLeuVal
 1861 GATTGACAAGTTGGTGGTGAACTTGGGAATGTTCTGCAAGAAATTTCACAGATGAAGC
 IleAspLysLeuValValAsnPheGlyAsnValLeuGlnGluIlePheThrAspGluAla
 1921 CAGAACGGGTCAAGAAAACAATTAGGAGGGAAAAGAATGGGACTAGAATTCTGTCTTC
 ArgThrGlyGlnGluAsnAsnLeuGlyGlyGluLysAsnGlyThrArgIleLeuSerSer
 1981 CTGCCAACCTCAATATAAGTGTGGACTAAAGTCAGGAAAGGTGTCCCTGTGGTCTATGC
 CysProThrSerIle***
 2041 AAATTAGAAAGGACATGCAGAGTTTCCAACTAGGAAGACTGAATCTGTGGCCCCAAGAG

 2101 AACCATCTCCGAAGACTGG

1/41

SEQUENCE LISTING

<110> CHUGAI RESEARCH INSTITUTE FOR MOLECULAR MEDICINE, INC.

<120> NOVEL HEMOPOIETIN RECEPTOR PROTEIN, NR10

<130> C2-105DP1PCT

<140>

<141>

<150> JP1999-155797

<151> 1999-06-02

<150> JP1999-217797

<151> 1999-07-30

<160> 20

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 2969

<212> DNA

<213> Homo sapiens

2/41

<220>

<221> CDS

<222> (523)..(2478)

<400> 1

cgcttataaaa tgaatgtgtg cttaggaaca ccagacagca ctccagact ctgcttgggg 60

ggcattcgaa acagcaaaat cactcataaa aggcaaaaaa ttgcaaaaaa aatagaata 120

accagcatgg tactaaatag accatgaaaa gacatgtgtg tgcagtatga aaattgagac 180

aggaaggcag agtgtcagct tgttccacct cagctggaa tgtgcattcag gcaactcaag 240

ttttcacca cggcatgtgt ctgtaatgt ccgcaaaaca ttttaacaat aatgcaatcc 300

atttcccagc ataagtgggt aagtgccact ttgacttggg ctggcttaa aagcacaaga 360

aaagctcgca gacaatcaga gtggaaacac tcccacatct tagtgtggat aaattaaagt 420

ccagattgtt cttcctgtcc tgacttgtgc tgtggaggt ggagttgcct ttgatgcaaa 480

tcctttgagc cagcagaaca tctgtggaac atcccctgat ac atg aag ctc tct 534

Met Lys Leu Ser

1

ccc cag cct tca tgt gtt aac ctg ggg atg atg tgg acc tgg gca ctg 582

3/41

Pro Gln Pro Ser Cys Val Asn Leu Gly Met Met Trp Thr Trp Ala Leu

5

10

15

20

tgg atg ctc ccc tca ctc tgc aaa ttc agc ctg gca gct ctg cca gct 630

Trp Met Leu Pro Ser Leu Cys Lys Phe Ser Leu Ala Ala Leu Pro Ala

25

30

35

aag cct gag aac att tcc tgt gtc tac tac tat agg aaa aat tta acc 678

Lys Pro Glu Asn Ile Ser Cys Val Tyr Tyr Arg Lys Asn Leu Thr

40

45

50

tgc act tgg agt cca gga aag gaa acc agt tat acc cag tac aca gtt 726

Cys Thr Trp Ser Pro Gly Lys Glu Thr Ser Tyr Thr Gln Tyr Thr Val

55

60

65

aag aga act tac gct ttc gga gaa aaa cat gat aat tgt aca acc aat 774

Lys Arg Thr Tyr Ala Phe Gly Glu Lys His Asp Asn Cys Thr Thr Asn

70

75

80

agt tct aca agt gaa aat cgt gct tcg tgc tct ttt ttc ctt cca aga 822

Ser Ser Thr Ser Glu Asn Arg Ala Ser Cys Ser Phe Phe Leu Pro Arg

85

90

95

100

ata acg atc cca gat aat tat acc att gag gtg gaa gct gaa aat gga 870

Ile Thr Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Ile Glu Val Glu Ala Glu Asn Gly

105

110

115

4/41

gat ggt gta att aaa tct cat atg aca tac tgg aga tta gag aac ata 918
Asp Gly Val Ile Lys Ser His Met Thr Tyr Trp Arg Leu Glu Asn Ile
120 125 130

gcg aaa act gaa cca cct aag att ttc cgt gtg aaa cca gtt ttg ggc 966
Ala Lys Thr Glu Pro Pro Lys Ile Phe Arg Val Lys Pro Val Leu Gly
135 140 145

atc aaa cga atg att caa att gaa tgg ata aag cct gag ttg gcg cct 1014
Ile Lys Arg Met Ile Gln Ile Glu Trp Ile Lys Pro Glu Leu Ala Pro
150 155 160

gtt tca tct gat tta aaa tac aca ctt cga ttc agg aca gtc aac agt 1062
Val Ser Ser Asp Leu Lys Tyr Thr Leu Arg Phe Arg Thr Val Asn Ser
165 170 175 180

acc agc tgg atg gaa gtc aac ttc gct aag aac cgt aag gat aaa aac 1110
Thr Ser Trp Met Glu Val Asn Phe Ala Lys Asn Arg Lys Asp Lys Asn
185 190 195

caa acg tac aac ctc acg ggg ctg cag cct ttt aca gaa tat gtc ata 1158
Gln Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Leu Gln Pro Phe Thr Glu Tyr Val Ile
200 205 210

gct ctg cga tgt gcg gtc aag gag tca aag ttc tgg agt gac tgg agc 1206

5/41

Ala Leu Arg Cys Ala Val Lys Glu Ser Lys Phe Trp Ser Asp Trp Ser

215 220 225

caa gaa aaa atg gga atg act gag gaa gaa gct cca tgt ggc ctg gaa 1254

Gln Glu Lys Met Gly Met Thr Glu Glu Glu Ala Pro Cys Gly Leu Glu

230 235 240

ctg tgg aga gtc ctg aaa cca gct gag gcg gat gga aga agg cca gtg 1302

Leu Trp Arg Val Leu Lys Pro Ala Glu Ala Asp Gly Arg Arg Pro Val

245 250 255 260

cgg ttg tta tgg aag aag gca aga gga gcc cca gtc cta gag aaa aca 1350

Arg Leu Leu Trp Lys Lys Ala Arg Gly Ala Pro Val Leu Glu Lys Thr

265 270 275

ctt ggc tac aac ata tgg tac tat cca gaa agc aac act aac ctc aca 1398

Leu Gly Tyr Asn Ile Trp Tyr Pro Glu Ser Asn Thr Asn Leu Thr

280 285 290

gaa aca atg aac act act aac cag cag ctt gaa ctg cat ctg gga ggc 1446

Glu Thr Met Asn Thr Thr Asn Gln Gln Leu Glu Leu His Leu Gly Gly

295 300 305

gag agc ttt tgg gtg tct atg att tct tat aat tct ctt ggg aag tct 1494

Glu Ser Phe Trp Val Ser Met Ile Ser Tyr Asn Ser Leu Gly Lys Ser

310 315 320

6/41

cca gtg gcc acc ctg agg att cca gct att caa gaa aaa tca ttt cag 1542

Pro Val Ala Thr Leu Arg Ile Pro Ala Ile Gln Glu Lys Ser Phe Gln

325 330 335 340

tgc att gag gtc atg cag gcc tgc gtt gct gag gac cag cta gtg gtg 1590

Cys Ile Glu Val Met Gln Ala Cys Val Ala Glu Asp Gln Leu Val Val

345 350 355

aag tgg caa agc tct gct cta gac gtg aac act tgg atg att gaa tgg 1638

Lys Trp Gln Ser Ser Ala Leu Asp Val Asn Thr Trp Met Ile Glu Trp

360 365 370

ttt ccg gat gtg gac tca gag ccc acc acc ctt tcc tgg gaa tct gtg 1686

Phe Pro Asp Val Asp Ser Glu Pro Thr Thr Leu Ser Trp Glu Ser Val

375 380 385

tct cag gcc acg aac tgg acg atc cag caa gat aaa tta aaa cct ttc 1734

Ser Gln Ala Thr Asn Trp Thr Ile Gln Gln Asp Lys Leu Lys Pro Phe

390 395 400

tgg tgc tat aac atc tct gtg tat cca atg ttg cat gac aaa gtt ggc 1782

Trp Cys Tyr Asn Ile Ser Val Tyr Pro Met Leu His Asp Lys Val Gly

405 410 415 420

gag cca tat tcc atc cag gct tat gcc aaa gaa ggc gtt cca tca gaa 1830

7/41

Glu Pro Tyr Ser Ile Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Gly Val Pro Ser Glu

425

430

435

ggt cct gag acc aag gtg gag aac att ggc gtg aag acg gtc acg atc 1878

Gly Pro Glu Thr Lys Val Glu Asn Ile Gly Val Lys Thr Val Thr Ile

440

445

450

aca tgg aaa gag att ccc aag agt gag aga aag ggt atc atc tgc aac 1926

Thr Trp Lys Glu Ile Pro Lys Ser Glu Arg Lys Gly Ile Ile Cys Asn

455

460

465

tac acc atc ttt tac caa gct gaa ggt gga aaa gga ttc tcc aag aca 1974

Tyr Thr Ile Phe Tyr Gln Ala Glu Gly Lys Gly Phe Ser Lys Thr

470

475

480

gtc aat tcc agc atc ttg cag tac ggc ctg gag tcc ctg aaa cga aag 2022

Val Asn Ser Ser Ile Leu Gln Tyr Gly Leu Glu Ser Leu Lys Arg Lys

485

490

495

500

acc tct tac att gtt cag gtc atg gcc aac acc agt gct ggg gga acc 2070

Thr Ser Tyr Ile Val Gln Val Met Ala Asn Thr Ser Ala Gly Gly Thr

505

510

515

aac ggg acc agc ata aat ttc aag aca ttg tca ttc agt gtc ttt gag 2118

Asn Gly Thr Ser Ile Asn Phe Lys Thr Leu Ser Phe Ser Val Phe Glu

520

525

530

8/41

att atc ctc ata act tct ctg att ggt gga ggc ctt ctt att ctc att 2166
Ile Ile Leu Ile Thr Ser Leu Ile Gly Gly Leu Leu Ile Leu Ile
535 540 545

atc ctg aca gtg gca tat ggt ctc aaa aaa ccc aac aaa ttg act cat 2214
Ile Leu Thr Val Ala Tyr Gly Leu Lys Lys Pro Asn Lys Leu Thr His
550 555 560

ctg tgt tgg ccc acc gtt ccc aac cct gct gaa agt agt ata gcc aca 2262
Leu Cys Trp Pro Thr Val Pro Asn Pro Ala Glu Ser Ser Ile Ala Thr
565 570 575 580

tgg cat gga gat gat ttc aag gat aag cta aac ctg aag gag tct gat 2310
Trp His Gly Asp Asp Phe Lys Asp Lys Leu Asn Leu Lys Glu Ser Asp
585 590 595

gac tct gtg aac aca gaa gac agg atc tta aaa cca tgt tcc acc ccc 2358
Asp Ser Val Asn Thr Glu Asp Arg Ile Leu Lys Pro Cys Ser Thr Pro
600 605 610

agt gac aag ttg gtg att gac aag ttg gtg gtg aac ttt ggg aat gtt 2406
Ser Asp Lys Leu Val Ile Asp Lys Leu Val Val Asn Phe Gly Asn Val
615 620 625

ctg caa gaa att ttc aca gat gaa gcc aga acg ggt cag gaa aaa caa 2454

9/41

Leu Gln Glu Ile Phe Thr Asp Glu Ala Arg Thr Gly Gln Glu Lys Gln

630

635

640

ttt agg agg gga aaa gaa tgg gac tagaattctg tcttcctgcc caacttcaat 2508

Phe Arg Arg Gly Lys Glu Trp Asp

645

650

ataagtgtgg actaaaatgc gagaaagggtg tcctgtggc tatgcaaatt agaaaggaca 2568

tgccagagttt tccaactagg aagactgaat ctgtggcccc aagagaacca tctccgaaga 2628

ctgggtatgt ggtctttcc acacatggac cacctacgga tgcaatctgt aatgcatgt 2688

catgagaagt ctgttattaa gtagagtgtg aaaacatggt tatgtaata ggaacagctt 2748

ttaaatgct ttgttatttg ggccttcac aaaaaaaagc cataatacca tttcatgta 2808

atgctatact tctatactat ttcatgtaa tactatactt ctatactatt ttcatgtaat 2868

actatacttc tatactattt tcatgtaata ctatacttct atattaaagt ttaccact 2928

ccaaaaaaaaag aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa a 2969

<210> 2

<211> 652

10/41

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Met Lys Leu Ser Pro Gln Pro Ser Cys Val Asn Leu Gly Met Met Trp
1 5 10 15

Thr Trp Ala Leu Trp Met Leu Pro Ser Leu Cys Lys Phe Ser Leu Ala
20 25 30

Ala Leu Pro Ala Lys Pro Glu Asn Ile Ser Cys Val Tyr Tyr Tyr Arg
35 40 45

Lys Asn Leu Thr Cys Thr Trp Ser Pro Gly Lys Glu Thr Ser Tyr Thr
50 55 60

Gln Tyr Thr Val Lys Arg Thr Tyr Ala Phe Gly Glu Lys His Asp Asn
65 70 75 80

Cys Thr Thr Asn Ser Ser Thr Ser Glu Asn Arg Ala Ser Cys Ser Phe
85 90 95

Phe Leu Pro Arg Ile Thr Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Ile Glu Val Glu
100 105 110

Ala Glu Asn Gly Asp Gly Val Ile Lys Ser His Met Thr Tyr Trp Arg

11/41

115 120 125

Leu Glu Asn Ile Ala Lys Thr Glu Pro Pro Lys Ile Phe Arg Val Lys

130 135 140

Pro Val Leu Gly Ile Lys Arg Met Ile Gln Ile Glu Trp Ile Lys Pro

145 150 155 160

Glu Leu Ala Pro Val Ser Ser Asp Leu Lys Tyr Thr Leu Arg Phe Arg

165 170 175

Thr Val Asn Ser Thr Ser Trp Met Glu Val Asn Phe Ala Lys Asn Arg

180 185 190

Lys Asp Lys Asn Gln Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Leu Gln Pro Phe Thr

195 200 205

Glu Tyr Val Ile Ala Leu Arg Cys Ala Val Lys Glu Ser Lys Phe Trp

210 215 220

Ser Asp Trp Ser Gln Glu Lys Met Gly Met Thr Glu Glu Glu Ala Pro

225 230 235 240

Cys Gly Leu Glu Leu Trp Arg Val Leu Lys Pro Ala Glu Ala Asp Gly

245 250 255

12/41

Arg Arg Pro Val Arg Leu Leu Trp Lys Lys Ala Arg Gly Ala Pro Val

260 265 270

Leu Glu Lys Thr Leu Gly Tyr Asn Ile Trp Tyr Tyr Pro Glu Ser Asn

275 280 285

Thr Asn Leu Thr Glu Thr Met Asn Thr Thr Asn Gln Gln Leu Glu Leu

290 295 300

His Leu Gly Gly Glu Ser Phe Trp Val Ser Met Ile Ser Tyr Asn Ser

305 310 315 320

Leu Gly Lys Ser Pro Val Ala Thr Leu Arg Ile Pro Ala Ile Gln Glu

325 330 335

Lys Ser Phe Gln Cys Ile Glu Val Met Gln Ala Cys Val Ala Glu Asp

340 345 350

Gln Leu Val Val Lys Trp Gln Ser Ser Ala Leu Asp Val Asn Thr Trp

355 360 365

Met Ile Glu Trp Phe Pro Asp Val Asp Ser Glu Pro Thr Thr Leu Ser

370 375 380

Trp Glu Ser Val Ser Gln Ala Thr Asn Trp Thr Ile Gln Gln Asp Lys

385 390 395 400

13/41

Leu Lys Pro Phe Trp Cys Tyr Asn Ile Ser Val Tyr Pro Met Leu His

405

410

415

Asp Lys Val Gly Glu Pro Tyr Ser Ile Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Gly

420

425

430

Val Pro Ser Glu Gly Pro Glu Thr Lys Val Glu Asn Ile Gly Val Lys

435

440

445

Thr Val Thr Ile Thr Trp Lys Glu Ile Pro Lys Ser Glu Arg Lys Gly

450

455

460

Ile Ile Cys Asn Tyr Thr Ile Phe Tyr Gln Ala Glu Gly Gly Lys Gly

465

470

475

480

Phe Ser Lys Thr Val Asn Ser Ser Ile Leu Gln Tyr Gly Leu Glu Ser

485

490

495

Leu Lys Arg Lys Thr Ser Tyr Ile Val Gln Val Met Ala Asn Thr Ser

500

505

510

Ala Gly Gly Thr Asn Gly Thr Ser Ile Asn Phe Lys Thr Leu Ser Phe

515

520

525

Ser Val Phe Glu Ile Ile Leu Ile Thr Ser Leu Ile Gly Gly Leu

14/41

530 535 540

Leu Ile Leu Ile Ile Leu Thr Val Ala Tyr Gly Leu Lys Lys Pro Asn

545 550 555 560

Lys Leu Thr His Leu Cys Trp Pro Thr Val Pro Asn Pro Ala Glu Ser

565 570 575

Ser Ile Ala Thr Trp His Gly Asp Asp Phe Lys Asp Lys Leu Asn Leu

580 585 590

Lys Glu Ser Asp Asp Ser Val Asn Thr Glu Asp Arg Ile Leu Lys Pro

595 600 605

Cys Ser Thr Pro Ser Asp Lys Leu Val Ile Asp Lys Leu Val Val Asn

610 615 620

Phe Gly Asn Val Leu Gln Glu Ile Phe Thr Asp Glu Ala Arg Thr Gly

625 630 635 640

Gln Glu Lys Gln Phe Arg Arg Gly Lys Glu Trp Asp

645 650

<210> 3

<211> 2440

15/41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (523)..(1278)

<400> 3

cgcttataaa tgaatgtgtg cttaggaaca ccagacagca ctccagcact ctgcttgggg 60

ggcattcgaa acagcaaaat cactcataaa aggcaaaaaaa ttgcaaaaaaa aatagtaata 120

accagcatgg tactaaatag accataaaaa gacatgtgtg tgcagtatga aaattgagac 180

aggaaggcag agtgtcagct tgttccaccc cagctggaa tgtgcacatg gcaactcaag 240

tttttcacca cggcatgtgt ctgtaatgt ccgcaaaaca ttttaacaat aatgcaatcc 300

atttcccagc ataagtgggt aagtgccact ttgacttggg ctggcctaa aagcacaaga 360

aaagctcgca gacaatcaga gtggaaacac tccccatct tagtgtggat aaattaaagt 420

ccagattgtt cttcctgtcc tgacttgtgc tgtggaggt ggagttgcct ttgatgcaaa 480

tcctttgagc cagcagaaca tctgtgaaac atccccatct ac atg aag ctc tct 534

Met Lys Leu Ser

16/41

1

ccc cag cct tca tgt gtt aac ctg ggg atg atg tgg acc tgg gca ctg 582
Pro Gln Pro Ser Cys Val Asn Leu Gly Met Met Trp Thr Trp Ala Leu

5 10 15 20

tgg atg ctc ccc tca ctc tgc aaa ttc agc ctg gca gct ctg cca gct 630
Trp Met Leu Pro Ser Leu Cys Lys Phe Ser Leu Ala Ala Leu Pro Ala

25 30 35

aag cct gag aac att tcc tgt gtc tac tac tat agg aaa aat tta acc 678
Lys Pro Glu Asn Ile Ser Cys Val Tyr Tyr Tyr Arg Lys Asn Leu Thr

40 45 50

tgc act tgg agt cca gga aag gaa acc agt tat acc cag tac aca gtt 726
Cys Thr Trp Ser Pro Gly Lys Glu Thr Ser Tyr Thr Gln Tyr Thr Val

55 60 65

aag aga act tac gct ttc gga gaa aaa cat gat aat tgt aca acc aat 774
Lys Arg Thr Tyr Ala Phe Gly Glu Lys His Asp Asn Cys Thr Thr Asn

70 75 80

agt tct aca agt gaa aat cgt gct tcg tgc tct ttt ttc ctt cca aga 822
Ser Ser Thr Ser Glu Asn Arg Ala Ser Cys Ser Phe Phe Leu Pro Arg

85 90 95 100

17/41

ata acg atc cca gat aat tat acc att gag gtg gaa gct gaa aat gga 870

Ile Thr Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Ile Glu Val Glu Ala Glu Asn Gly

105

110

115

gat ggt gta att aaa tct cat atg aca tac tgg aga tta gag aac ata 918

Asp Gly Val Ile Lys Ser His Met Thr Tyr Trp Arg Leu Glu Asn Ile

120

125

130

gcg aaa act gaa cca cct aag att ttc cgt gtg aaa cca gtt ttg ggc 966

Ala Lys Thr Glu Pro Pro Lys Ile Phe Arg Val Lys Pro Val Leu Gly

135

140

145

atc aaa cga atg att caa att gaa tgg ata aag cct gag ttg gcg cct 1014

Ile Lys Arg Met Ile Gln Ile Glu Trp Ile Lys Pro Glu Leu Ala Pro

150

155

160

gtt tca tct gat tta aaa tac aca ctt cga ttc agg aca gtc aac agt 1062

Val Ser Ser Asp Leu Lys Tyr Thr Leu Arg Phe Arg Thr Val Asn Ser

165

170

175

180

acc agc tgg atg gaa gtc aac ttc gct aag aac cgt aag gat aaa aac 1110

Thr Ser Trp Met Glu Val Asn Phe Ala Lys Asn Arg Lys Asp Lys Asn

185

190

195

caa acg tac aac ctc acg ggg ctg cag cct ttt aca gaa tat gtc ata 1158

Gln Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Leu Gln Pro Phe Thr Glu Tyr Val Ile

18/41

200

205

210

gct ctg cga tgt gcg gtc aag gag tca aag ttc tgg agt gac tgg agc 1206
Ala Leu Arg Cys Ala Val Lys Glu Ser Lys Phe Trp Ser Asp Trp Ser

215

220

225

caa gaa aaa atg gga atg act gag gaa gaa ggc aag cta ctc cct gcg 1254
Gln Glu Lys Met Gly Met Thr Glu Glu Glu Gly Lys Leu Leu Pro Ala

230

235

240

att ccc gtc ctg tct act ctg gtg tagggctgct ttgggctaga ctgggtgggg 1308
Ile Pro Val Leu Ser Thr Leu Val

245

250

tttgtcacca cctggttggg aatcatggaa tctcatgacc ccagggcccc cctgtaccat 1368

cgagagttag cctgcacaac tttgtcccc aaaggcaaag gatcacattt taatactcat 1428

gaggttctta tactatacat gaaagggtat catatcattt gttttgtttt gttttgtttt 1488

tgagatggag tcttactctg tcacccagga tggagtgcag tcatgtgatc tcggctact 1548

gccaccacca cctcccgagt tcaagcaatt ctgtgcctc agcctccaa gtagctggga 1608

ttacagggc ccacgaccat gcccgggttga tttttgtatt ttttagtagag aaggatatac 1668

19/41

accatgttgg ctaggctagt cttgaactcc tgacctcagg taatctgcc accttgacct 1728

cccaaagtgt tgggattaca ggcgtgagcc actgtgcccc gccagtatca tatcatctga 1788

aggtatcctg tgataaaatta aagatacata ttgtaatcc tggagctact actcaaaaaaa 1848

taaataaagg tgtaactaat acaatttaaa aaatcacatt tttaatgaca gtgaggaaag 1908

gaaagaggca tggattgcag gttgatggag tgcttactaa gtgtcagttat ggtcattaag 1968

agcaacgctt ccagtcagtg gccttggctt aaatcccaag ccaggtgtct ttgggcaaga 2028

tacctaaact ctcagttcat ttcagcagt ttccctcgcat ttattcccct tttctatatt 2088

gaaaatagaat atgttaagtt agtttatagt agtacctatt ttttagtatt atttaaaga 2148

ttaaatgaaa taatgtgttt agccatagt agatattcac taactgctag acttcctatt 2208

cttattattt atccctctac tattatttt aatccctcctt aaaggactat aaaatatgta 2268

gagtcactcc cattttggaa atgagggaaac ttagttcag agatgctaattt aaacagctca 2328

gggtcactca gcatgtgtta cttttctcaa gagccttgcc cagagtctga ccctcagtgg 2388

acgatcaata aatgtgtgat gaatggaaaa aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa aa 2440

20/41

<210> 4

<211> 252

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

Met Lys Leu Ser Pro Gln Pro Ser Cys Val Asn Leu Gly Met Met Trp

1

5

10

15

Thr Trp Ala Leu Trp Met Leu Pro Ser Leu Cys Lys Phe Ser Leu Ala

20

25

30

Ala Leu Pro Ala Lys Pro Glu Asn Ile Ser Cys Val Tyr Tyr Arg

35

40

45

Lys Asn Leu Thr Cys Thr Trp Ser Pro Gly Lys Glu Thr Ser Tyr Thr

50

55

60

Gln Tyr Thr Val Lys Arg Thr Tyr Ala Phe Gly Glu Lys His Asp Asn

65

70

75

80

Cys Thr Thr Asn Ser Ser Thr Ser Glu Asn Arg Ala Ser Cys Ser Phe

85

90

95

Phe Leu Pro Arg Ile Thr Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Ile Glu Val Glu

21/41

100

105

110

Ala Glu Asn Gly Asp Gly Val Ile Lys Ser His Met Thr Tyr Trp Arg

115

120

125

Leu Glu Asn Ile Ala Lys Thr Glu Pro Pro Lys Ile Phe Arg Val Lys

130

135

140

Pro Val Leu Gly Ile Lys Arg Met Ile Gln Ile Glu Trp Ile Lys Pro

145

150

155

160

Glu Leu Ala Pro Val Ser Ser Asp Leu Lys Tyr Thr Leu Arg Phe Arg

165

170

175

Thr Val Asn Ser Thr Ser Trp Met Glu Val Asn Phe Ala Lys Asn Arg

180

185

190

Lys Asp Lys Asn Gln Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Leu Gln Pro Phe Thr

195

200

205

Glu Tyr Val Ile Ala Leu Arg Cys Ala Val Lys Glu Ser Lys Phe Trp

210

215

220

Ser Asp Trp Ser Gln Glu Lys Met Gly Met Thr Glu Glu Glu Gly Lys

225

230

235

240

22/41

Leu Leu Pro Ala Ile Pro Val Leu Ser Thr Leu Val

245

250

<210> 5

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

<400> 5

atggaagtca acttcgctaa gaaccgtaag

30

<210> 6

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

23/41

<400> 6

ccaaacgtac aacacctcacgg ggctgcaacc

30

<210> 7

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially

Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

<400> 7

gtcatagctc tgcgatgtgc ggtcaaggag

30

<210> 8

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially

Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

24/41

<400> 8

agttagcttgc gtttttcctc agctattccc

30

<210> 9

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially

Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

<400> 9

ctttgactcc ttgaccgcac atcgagac

30

<210> 10

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially

Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

25/41

<400> 10

ggttgcagcc ccgtgagggtt gtacgtttgg

30

<210> 11

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

<400> 11

atcagatgaa acaggcgcca actcagg

27

<210> 12

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

26/41

<400> 12

tggtttcaca cgaaaaatct tagtgtt

27

<210> 13

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

<400> 13

gcattcagga cagtcaacag taccagg

27

<210> 14

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

27/41

<400> 14

agctggaatc ctcagggtgg ccactgg

27

<210> 15

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

<400> 15

gcccatcacc agagtagaca ggacggg

27

<210> 16

<211> 2119

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (11)..(1996)

28/41

<400> 16

ccccctgatac atg aag ctc tct ccc cag cct tca tgt gtt aac ctg ggg 49

Met Lys Leu Ser Pro Gln Pro Ser Cys Val Asn Leu Gly

1 5 10

atg atg tgg acc tgg gca ctg tgg atg ctc ccc tca ctc tgc aaa ttc 97

Met Met Trp Thr Trp Ala Leu Trp Met Leu Pro Ser Leu Cys Lys Phe

15 20 25

agc ctg gca gct ctg cca gct aag cct gag aac att tcc tgt gtc tac 145

Ser Leu Ala Ala Leu Pro Ala Lys Pro Glu Asn Ile Ser Cys Val Tyr

30 35 40 45

tac tat agg aaa aat tta acc tgc act tgg agt cca gga aag gaa acc 193

Tyr Tyr Arg Lys Asn Leu Thr Cys Thr Trp Ser Pro Gly Lys Glu Thr

50 55 60

agt tat acc cag tac aca gtt aag aga act tac gct ttt gga gaa aaa 241

Ser Tyr Thr Gln Tyr Thr Val Lys Arg Thr Tyr Ala Phe Gly Glu Lys

65 70 75

cat gat aat tgt aca acc aat agt tct aca agt gaa aat cgt gct tcg 289

His Asp Asn Cys Thr Thr Asn Ser Ser Thr Ser Glu Asn Arg Ala Ser

80 85 90

tgc tct ttt ttc ctt cca aga ata acg atc cca gat aat tat acc att 337

29/41

Cys Ser Phe Phe Leu Pro Arg Ile Thr Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Ile

95 100 105

gag gtg gaa gct gaa aat gga gat ggt gta att aaa tct cat atg aca 385

Glu Val Glu Ala Glu Asn Gly Asp Gly Val Ile Lys Ser His Met=Thr

110 115 120 125

tac tgg aga tta gag aac ata gcg aaa act gaa cca cct aag att ttc 433

Tyr Trp Arg Leu Glu Asn Ile Ala Lys Thr Glu Pro Pro Lys Ile Phe

130 135 140

cgt gtg aaa cca gtt ttg ggc atc aaa cga atg att caa att gaa tgg 481

Arg Val Lys Pro Val Leu Gly Ile Lys Arg Met Ile Gln Ile Glu Trp

145 150 155

ata aag cct gag ttg gcg cct gtt tca tct gat tta aaa tac aca ctt 529

Ile Lys Pro Glu Leu Ala Pro Val Ser Ser Asp Leu Lys Tyr Thr Leu

160 165 170

cga ttc agg aca gtc aac agt acc agc tgg atg gaa gtc aac ttc gct 577

Arg Phe Arg Thr Val Asn Ser Thr Ser Trp Met Glu Val Asn Phe Ala

175 180 185

aag aac cgt aag gat aaa aac caa acg tac aac ctc acg ggg ctg cag 625

Lys Asn Arg Lys Asp Lys Asn Gln Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Leu Gln

190 195 200 205

30/41

cct ttt aca gaa tat gtc ata gct ctg cga tgt gcg gtc aag gag tca 673
Pro Phe Thr Glu Tyr Val Ile Ala Leu Arg Cys Ala Val Lys Glu Ser

210 215 220

aag ttc tgg agt gac tgg agc caa gaa aaa atg gga atg act gag gaa 721
Lys Phe Trp Ser Asp Trp Ser Gln Glu Lys Met Gly Met Thr Glu Glu

225 230 235

gaa gct cca tgt ggc ctg gaa ctg tgg aga gtc ctg aaa cca gct gag 769
Glu Ala Pro Cys Gly Leu Glu Leu Trp Arg Val Leu Lys Pro Ala Glu

240 245 250

gcg gat gga aga agg cca gtg cggttg tta tgg aag aag gca aga gga 817
Ala Asp Gly Arg Arg Pro Val Arg Leu Leu Trp Lys Lys Ala Arg Gly

255 260 265

gcc cca gtc cta gag aaa aca ctt ggc tac aac ata tgg tac tat cca 865
Ala Pro Val Leu Glu Lys Thr Leu Gly Tyr Asn Ile Trp Tyr Tyr Pro
270 275 280 285

gaa agc aac act aac ctc aca gaa aca atg aac act act aac cag cag 913
Glu Ser Asn Thr Asn Leu Thr Glu Thr Met Asn Thr Asn Gln Gln
290 295 300

ctt gaa ctg cat ctg gga ggc gag agc ttt tgg gtg tct atg att tct 961

31/41

Leu Glu Leu His Leu Gly Gly Glu Ser Phe Trp Val Ser Met Ile Ser

305 310 315

tat aat tct ctt ggg aag tct cca gtg gcc acc ctg agg att cca gct 1009

Tyr Asn Ser Leu Gly Lys Ser Pro Val Ala Thr Leu Arg Ile Pro Ala

320 325 330

att caa gaa aaa tca ttt cag tgc att gag gtc atg cag gcc tgc gtt 1057

Ile Gln Glu Lys Ser Phe Gln Cys Ile Glu Val Met Gln Ala Cys Val

335 340 345

gct gag gac cag cta gtg gtg aag tgg caa agc tct gct cta gac gtg 1105

Ala Glu Asp Gln Leu Val Val Lys Trp Gln Ser Ser Ala Leu Asp Val

350 355 360 365

aac act tgg atg att gaa tgg ttt ccg gat gtg gac tca gag ccc acc 1153

Asn Thr Trp Met Ile Glu Trp Phe Pro Asp Val Asp Ser Glu Pro Thr

370 375 380

acc ctt tcc tgg gaa tct gtg tct cag gcc acg aac tgg acg atc cag 1201

Thr Leu Ser Trp Glu Ser Val Ser Gln Ala Thr Asn Trp Thr Ile Gln

385 390 395

caa gat aaa tta aaa cct ttc tgg tgc tat aac atc tct gtg tat cca 1249

Gln Asp Lys Leu Lys Pro Phe Trp Cys Tyr Asn Ile Ser Val Tyr Pro

400 405 410

32/41

atg ttg cat gac aaa gtt ggc gag cca tat tcc atc cag gct tat gcc 1297

Met Leu His Asp Lys Val Gly Glu Pro Tyr Ser Ile Gln Ala Tyr Ala

415

420

425

aaa gaa ggc gtt cca tca gaa ggt cct gag acc aag gtg gag aac att 1345

Lys Glu Gly Val Pro Ser Glu Gly Pro Glu Thr Lys Val Glu Asn Ile

430

435

440

445

ggc gtg aag acg gtc acg atc aca tgg aaa gag att ccc aag agt gag 1393

Gly Val Lys Thr Val Thr Ile Thr Trp Lys Glu Ile Pro Lys Ser Glu

450

455

460

aga aag ggt atc atc tgc aac tac acc atc ttt tac caa gct gaa ggt 1441

Arg Lys Gly Ile Ile Cys Asn Tyr Thr Ile Phe Tyr Gln Ala Glu Gly

465

470

475

gga aaa gga ttc tcc aag aca gtc aat tcc agc atc ttg cag tac ggc 1489

Gly Lys Gly Phe Ser Lys Thr Val Asn Ser Ser Ile Leu Gln Tyr Gly

480

485

490

ctg gag tcc ctg aaa cga aag acc tct tac att gtt cag gtc atg gcc 1537

Leu Glu Ser Leu Lys Arg Lys Thr Ser Tyr Ile Val Gln Val Met Ala

495

500

505

agc acc agt gct ggg gga acc aac ggg acc agc ata aat ttc aag aca 1585

33/41

Ser Thr Ser Ala Gly Gly Thr Asn Gly Thr Ser Ile Asn Phe Lys Thr

510 515 520 525

ttg tca ttc agt gtc ttt gag att atc ctc ata act tct ctg att ggt 1633

Leu Ser Phe Ser Val Phe Glu Ile Ile Leu Ile Thr Ser Leu Ile Gly

530 535 540

gga ggc ctt ctt att ctc att atc ctg aca gtg gca tat ggt ctc aaa 1681

Gly Gly Leu Leu Ile Leu Ile Ile Leu Thr Val Ala Tyr Gly Leu Lys

545 550 555

aaa ccc aac aaa ttg act cat ctg tgt tgg ccc acc gtt ccc aac cct 1729

Lys Pro Asn Lys Leu Thr His Leu Cys Trp Pro Thr Val Pro Asn Pro

560 565 570

gct gaa agt agt ata gcc aca tgg cat gga gat gat ttc aag gat aag 1777

Ala Glu Ser Ser Ile Ala Thr Trp His Gly Asp Asp Phe Lys Asp Lys

575 580 585

cta aac ctg aag gag tct gat gac tct gtg aac aca gaa gac agg atc 1825

Leu Asn Leu Lys Glu Ser Asp Asp Ser Val Asn Thr Glu Asp Arg Ile

590 595 600 605

tta aaa cca tgt tcc acc ccc agt gac aag ttg gtg att gac aag ttg 1873

Leu Lys Pro Cys Ser Thr Pro Ser Asp Lys Leu Val Ile Asp Lys Leu

610 615 620

34/41

gtg gtg aac ttt ggg aat gtt ctg caa gaa att ttc aca gat gaa gcc 1921

Val Val Asn Phe Gly Asn Val Leu Gln Glu Ile Phe Thr Asp Glu Ala

625

630

635

aga acg ggt cag gaa aac aat tta gga ggg gaa aag aat ggg act aga 1969

Arg Thr Gly Gln Glu Asn Asn Leu Gly Gly Glu Lys Asn Gly Thr Arg

640

645

650

att ctg tct tec tgc cca act tca ata taagtgtgga ctaaaaatgcg 2016

Ile Leu Ser Ser Cys Pro Thr Ser Ile

655

660

agaaagggtgt cctgtggct atgcaaatta gaaaggacat gcagagttt ccaacttagga 2076

agactgaatc tgtggccca agagaaccat ctccgaagac tgg

2119

<210> 17

<211> 662

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 17

Met Lys Leu Ser Pro Gln Pro Ser Cys Val Asn Leu Gly Met Met Trp

35/41

Thr Trp Ala Leu Trp Met Leu Pro Ser Leu Cys Lys Phe Ser Leu Ala

20 25 30

Ala Leu Pro Ala Lys Pro Glu Asn Ile Ser Cys Val Tyr Tyr Tyr Arg

35 40 45

Lys Asn Leu Thr Cys Thr Trp Ser Pro Gly Lys Glu Thr Ser Tyr Thr

50 55 60

Gln Tyr Thr Val Lys Arg Thr Tyr Ala Phe Gly Glu Lys His Asp Asn

65 70 75 80

Cys Thr Thr Asn Ser Ser Thr Ser Glu Asn Arg Ala Ser Cys Ser Phe

85 90 95

Phe Leu Pro Arg Ile Thr Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Ile Glu Val Glu

100 105 110

Ala Glu Asn Gly Asp Gly Val Ile Lys Ser His Met Thr Tyr Trp Arg

115 120 125

Leu Glu Asn Ile Ala Lys Thr Glu Pro Pro Lys Ile Phe Arg Val Lys

130 135 140

Pro Val Leu Gly Ile Lys Arg Met Ile Gln Ile Glu Trp Ile Lys Pro

36/41

145

150

155

160

Glu Leu Ala Pro Val Ser Ser Asp Leu Lys Tyr Thr Leu Arg Phe Arg

165

170

175

Thr Val Asn Ser Thr Ser Trp Met Glu Val Asn Phe Ala Lys Asn Arg

180

185

190

Lys Asp Lys Asn Gln Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Leu Gln Pro Phe Thr

195

200

205

Glu Tyr Val Ile Ala Leu Arg Cys Ala Val Lys Glu Ser Lys Phe Trp

210

215

220

Ser Asp Trp Ser Gln Glu Lys Met Gly Met Thr Glu Glu Ala Pro

225

230

235

240

Cys Gly Leu Glu Leu Trp Arg Val Leu Lys Pro Ala Glu Ala Asp Gly

245

250

255

Arg Arg Pro Val Arg Leu Leu Trp Lys Lys Ala Arg Gly Ala Pro Val

260

265

270

Leu Glu Lys Thr Leu Gly Tyr Asn Ile Trp Tyr Tyr Pro Glu Ser Asn

275

280

285

37/41

Thr Asn Leu Thr Glu Thr Met Asn Thr Thr Asn Gln Gln Leu Glu Leu

290 295 300

His Leu Gly Gly Glu Ser Phe Trp Val Ser Met Ile Ser Tyr Asn Ser

305 310 315 320

Leu Gly Lys Ser Pro Val Ala Thr Leu Arg Ile Pro Ala Ile Gln Glu

325 330 335

Lys Ser Phe Gln Cys Ile Glu Val Met Gln Ala Cys Val Ala Glu Asp

340 345 350

Gln Leu Val Val Lys Trp Gln Ser Ser Ala Leu Asp Val Asn Thr Trp

355 360 365

Met Ile Glu Trp Phe Pro Asp Val Asp Ser Glu Pro Thr Thr Leu Ser

370 375 380

Trp Glu Ser Val Ser Gln Ala Thr Asn Trp Thr Ile Gln Gln Asp Lys

385 390 395 400

Leu Lys Pro Phe Trp Cys Tyr Asn Ile Ser Val Tyr Pro Met Leu His

405 410 415

Asp Lys Val Gly Glu Pro Tyr Ser Ile Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Gly

420 425 430

38/41

Val Pro Ser Glu Gly Pro Glu Thr Lys Val Glu Asn Ile Gly Val Lys
435 440 445

Thr Val Thr Ile Thr Trp Lys Glu Ile Pro Lys Ser Glu Arg Lys Gly
450 455 460

Ile Ile Cys Asn Tyr Thr Ile Phe Tyr Gln Ala Glu Gly Gly Lys Gly
465 470 475 480

Phe Ser Lys Thr Val Asn Ser Ser Ile Leu Gln Tyr Gly Leu Glu Ser
485 490 495

Leu Lys Arg Lys Thr Ser Tyr Ile Val Gln Val Met Ala Ser Thr Ser
500 505 510

Ala Gly Gly Thr Asn Gly Thr Ser Ile Asn Phe Lys Thr Leu Ser Phe
515 520 525

Ser Val Phe Glu Ile Ile Leu Ile Thr Ser Leu Ile Gly Gly Leu
530 535 540

Leu Ile Leu Ile Ile Leu Thr Val Ala Tyr Gly Leu Lys Lys Pro Asn
545 550 555 560

Lys Leu Thr His Leu Cys Trp Pro Thr Val Pro Asn Pro Ala Glu Ser

39/41

565

570

575

Ser Ile Ala Thr Trp His Gly Asp Asp Phe Lys Asp Lys Leu Asn Leu

580

585

590

Lys Glu Ser Asp Asp Ser Val Asn Thr Glu Asp Arg Ile Leu Lys Pro

595

600

605

Cys Ser Thr Pro Ser Asp Lys Leu Val Ile Asp Lys Leu Val Val Asn

610

615

620

Phe Gly Asn Val Leu Gln Glu Ile Phe Thr Asp Glu Ala Arg Thr Gly

625

630

635

640

Gln Glu Asn Asn Leu Gly Gly Glu Lys Asn Gly Thr Arg Ile Leu Ser

645

650

655

Ser Cys Pro Thr Ser Ile

660

<210> 18

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

40/41

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

<400> 18

CCCTGATAC ATGAAGCTCT CTCCCCAGCC

30

<210> 19

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

<400> 19

CCAGTCTTCG GAGATGGTTC TCTTGGGGCC

30

<210> 20

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

41/41

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Artificially
Synthesized Oligonucleotide Primer Sequence

<400> 20

CTGTGTAAGT ACCAATTGTT CCCAGGC

27

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP00/03556

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N15/12, C12N5/10, C07K14/715, C07K16/28,
C12P21/02, G01N33/53, G01N33/566

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
Int.Cl⁷ C12N15/12, C12N5/10, C07K14/715, C07K16/28,
C12P21/02, G01N33/53, G01N33/566

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
MEDLINE (STN), Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, BIOSIS (DIALOG)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P, A	Gregory G. Mahairas et al., "Sequence-tagged connectors: A sequence approach to mapping and scanning the human genome", Proc.Natl.Acad.Sci.U.S.A., (1999), Vol.96, pp.9739-9744	1-10
A	Kishimoto T. et al., "Molecular cloning and expression of an IL-6 signal transducer, gp130" Cell, (1990), Vol.63, pp.1149-1157	1-10
A	WO, 97/12037, A1 (AMRAD OPERATIONS PTY.LTD.), 03 April, 1997 (03.04.97) & AU, 9669805, A & JP, 11-514224, A	1-10
A	WO, 97/15663, A1 (AMRAD OPERATIONS PTY.LTD.), 01 May, 1997 (01.05.97) & AU, 9672668, A & EP, 907730, A1 & JP, 11-514873, A	1-10

Further documents are listed in the continuation of Box C.

See patent family annex.

- * Special categories of cited documents:
- "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- "E" earlier document but published on or after the international filing date
- "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
- "&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
29 August, 2000 (29.08.00)

Date of mailing of the international search report
05 September, 2000 (05.09.00)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Faxsimile No.

Telephone No.

A. 発明の属する分野の分類（国際特許分類（IPC））

Int. Cl' C12N15/12, C12N5/10, C07K14/715, C07K16/28,
C12P21/02, G01N33/53, G01N33/566

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料（国際特許分類（IPC））

Int. Cl' C12N15/12, C12N5/10, C07K14/715, C07K16/28,
C12P21/02, G01N33/53, G01N33/566

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース（データベースの名称、調査に使用した用語）
MEDLINE(STN)、Genbank/EMBL/DDBJ/GeneSeq、BIOSIS(DIALOG)

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリーエ	引用文献名…及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
P, A	Gregory G. Mahairas et al. “Sequence-tagged connectors: A sequence approach to mapping and scanning the human genome” Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A., (1999), Vol. 96, P. 9739-9744	1-10
A	Kishimoto T. et al. “Molecular cloning and expression of an IL-6 signal transducer, gp130” Cell, (1990), Vol. 63, P. 1149-1157	1-10

C欄の続きにも文献が列挙されている。

パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

- 「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
- 「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの
- 「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献（理由を付す）
- 「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
- 「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

- 「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
- 「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
- 「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
- 「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

29. 08. 00

国際調査報告の発送日

05.09.00

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)
郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官（権限のある職員）

甲斐 順子

印 4 N 9641

電話番号 03-3581-1101 内線 3488

C(続き) 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
A	WO, 97/12037, A1 (AMRAD OPERATIONS PTY. LTD.) 03.4月.1997 (03.04.97), &AU, 9669805, A, &JP, 11-514224, A	1-10
A	WO, 97/15663, A1 (AMRAD OPERATIONS PTY. LTD.) 01.5月.1997 (01.05.97); &AU, 9672668, A, &EP, 907730, A1, &JP, 11-514873, A	1-10

THIS PAGE BLANK (USPTO)